



TESIS - TE142599

# **KLASIFIKASI BAKTERI TUBERKULOSIS PADA SAMPEL DAHAK MENGGUNAKAN K-NEAREST NEIGHBOR (K-NN) DAN BACKPROPAGATION**

LALITYA NINDITA SAHENDA  
NRP. 07111450050006

DOSEN PEMBIMBING  
Prof. Dr. Ir. Mauridhi Hery Purnomo, M.Eng.  
Dr. I Ketut Eddy Purnama, S.T., M.T.

PROGRAM MAGISTER  
BIDANG KEAHLIAN JARINGAN CERDAS MULTIMEDIA  
DEPARTEMEN TEKNIK ELEKTRO  
FAKULTAS TEKNOLOGI ELEKTRO  
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER  
SURABAYA  
2018





TESIS - TE142599

# **KLASIFIKASI BAKTERI TUBERKULOSIS PADA SAMPEL DAHAK MENGGUNAKAN K-NEAREST NEIGHBOR (K-NN) DAN BACKPROPAGATION**

LALITYA NINDITA SAHENDA  
NRP. 07111450050006

DOSEN PEMBIMBING  
Prof. Dr. Ir. Mauridhi Hery Purnomo, M.Eng  
Dr. I Ketut Eddy Purnama, S.T., M.T.

PROGRAM MAGISTER  
BIDANG KEAHLIAN JARINGAN CERDAS MULTIMEDIA  
DEPARTEMEN TEKNIK ELEKTRO  
FAKULTAS TEKNOLOGI ELEKTRO  
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER  
SURABAYA  
2018



## LEMBAR PENGESAHAN

Tesis disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar  
Magister Teknik (M.T)

di  
Institut Teknologi Sepuluh Nopember

oleh:

Lalitya Nindita Sahenda  
NRP. 07111450050006

Tanggal Ujian : 26 Juni 2018  
Periode Wisuda : September 2018

Disetujui oleh:

1. Prof. Dr. Ir. Mauridhi Hery Purnomo, M. Eng. (Pembimbing I)  
NIP: 195809161986011001

2. Dr. I Ketut Eddy Purnama, S.T., M.T. (Pembimbing II)  
NIP: 196907301995121001

3. Dr. Surya Sumpeno, S.T., M.Sc. (Penguji)  
NIP: 196906131997021003

4. Dr. Adhi Dharma Wibawa, S.T., M.T. (Penguji)  
NIP: 197605052008121003

Dekan Fakultas Teknologi Elektro



Dr. Tri Arief Sardjono, S.T., M.T.  
NIP: 197002121995121001

*Halaman ini sengaja dikosongkan*



## PERNYATAAN KEASLIAN TESIS

Dengan ini saya menyatakan bahwa isi keseluruhan Tesis saya dengan judul **“KLASIFIKASI BAKTERI TUBERKULOSIS PADA SAMPEL DAHAK MENGGUNAKAN K-NEAREST NEIGHBOR (K-NN) DAN BACKPROPAGATION”** adalah benar-benar hasil karya intelektual mandiri, diselesaikan tanpa menggunakan bahan-bahan yang tidak diijinkan dan bukan merupakan karya pihak lain yang saya akui sebagai karya sendiri.

Semua referensi yang dikutip maupun dirujuk telah ditulis secara lengkap pada daftar pustaka. Apabila ternyata pernyataan ini tidak benar, saya bersedia menerima sanksi sesuai peraturan yang berlaku.

Surabaya, Juni 2018



Lalitya Nindita Sahenda

NRP. 07111450050006

*Halaman ini sengaja dikosongkan*



# **KLASIFIKASI BAKTERI TUBERKULOSIS PADA SAMPEL DAHAK MENGGUNAKAN K-NEAREST NEIGHBOR (K-NN) DAN BACKPROPAGATION**

Nama mahasiswa : Lalitya Nindita Sahenda  
NRP : 07111450050006  
Pembimbing : 1. Prof. Dr. Ir. Mauridhi Hery Purnomo, M.Eng  
2. Dr. I. Ketut Eddy Purnama, S.T., M.T.

## **ABSTRAK**

Penelitian ini bertujuan untuk melakukan klasifikasi bakteri tuberkulosis berdasarkan fitur bentuk bakteri. Citra preparat digital dikonversi dari kanal warna *Red, Green, Blue* (RGB) ke *Hue, Saturation, Value* (HSV), kemudian dilakukan operasi morfologi untuk memperbaiki bentuk bakteri. Bakteri dipotong secara otomatis dari gambar digital preparat menggunakan *Region of Interest* (ROI), potongan bakteri hasil ROI kemudian di *skeletonizing* untuk mendapatkan bentuk bakteri dengan lebar satu piksel. Langkah selanjutnya dilokalisasi untuk memisahkan bagian yang bukan termasuk bakteri tuberkulosis. Fitur yang digunakan antara lain panjang bakteri, *endpoint* dengan menerapkan *ridge ending* dari *minutiae*, dan percabangan bakteri dengan menerapkan *bifurcation* dari *minutiae*. Fitur-fitur tersebut menjadi masukan pada proses klasifikasi. K-NN mampu mengklasifikasi bakteri tunggal dengan akurasi 88.16% dan bakteri rangkap sebesar 88.16%. *Backpropagation* mampu mengklasifikasi antara bakteri tunggal dengan akurasi 87.28% dan bakteri rangkap dengan akurasi 87.28%. *K-Nearest Neighbor* (K-NN) mampu mengklasifikasi kelompok preparat kuning dengan akurasi 93.22%, kelompok preparat hijau dengan akurasi 92%, kelompok preparat biru dengan akurasi 90.63% dan kelompok preparat gelap dengan akurasi 75%. Sementara *backpropagation* mampu mengklasifikasi kelompok preparat kuning dengan akurasi 91.53%, kelompok preparat hijau dengan akurasi 92%, kelompok preparat biru dengan akurasi 92.71%, kelompok gelap dengan akurasi 68.75%. Metode K-NN lebih unggul dalam akurasi klasifikasi pada kelompok preparat kuning, dan kelompok preparat gelap. Dan metode *backpropagation* lebih unggul pada kelompok preparat biru. Sedangkan dalam kelompok preparat hijau K-NN dan *backpropagation* memiliki akurasi klasifikasi sama sebesar 92%. Metode K-NN lebih unggul dalam mengklasifikasi jenis bakteri tunggal dan rangkap dari pada metode *backpropagation*. Sistem ini mampu digunakan sebagai alat bantu bagi dokter dan analis medis untuk mempercepat proses penghitungan bakteri tuberkulosis dan diagnosa pasien tuberkulosis pada bidang kesehatan.

Kata kunci: *Hue, Saturation, Value* (HSV), *Region of Interest* (ROI), *Skeletonizing*, *Minutiae*, *K-Nearest Neighbor* (K-NN), *Backpropagation*

*Halaman ini sengaja dikosongkan*

# **CLASSIFICATION OF TUBERCULOSIS BACTERIA ON SPUTUM SMEARS USING K-NEAREST NEIGHBOR (K-NN) AND BACKPROPAGATION**

By : Lalitya Nindita Sahenda  
Student Identity Number : 07111450050006  
Supervisor(s) : 1. Prof. Dr. Ir. Mauridhi Hery Purnomo, M.Eng  
2. Dr. I. Ketut Eddy Purnama, S.T., M.T.

## **ABSTRACT**

This study aims to classify tuberculosis bacteria based on the features of bacterial forms. Digital image preparations are converted from RGB color channels to Hue, Saturation, Value (HSV), then morphologic surgery to repair bacterial forms. The bacteria is automatically cut from the digital image of the preparat using Region of Interest (ROI), piece of bacteria resulting from ROI then skeletonizing to obtain bacterial form with a width of one pixel. The next step is localized to separate parts that do not belong to tuberculosis bacteria. Features used include bacterial length, endpoints by applying ridge ending of minutiae, and branch of bacteria by applying bifurcation of minutiae. These features become input to the classification process. K-Nearest Neighbor (K-NN) is able to classify single bacteria with 88.16% and multiple bacteria with 88.16% accuracy. Backpropagation is able to classify between single bacteria with 87.28% and multiple bacteria with 87.28% accuracy. K-NN was able to classify yellow preparat groups with 93.22% accuracy, green preparat group with 92% accuracy, blue preparat group with 90.63% accuracy, and dark preparat group with 75% accuracy. Backpropagation was able to classify yellow preparat groups with 91.53% accuracy, green preparat group with 92% accuracy, blue preparat group with 92.71% accuracy, dark preparat group with 68.75% accuracy. The K-NN method is better in the classification accuracy of the yellow preparat group, and the dark preparat group. And the backpropagation method is better to the blue preparat group. While in the group of green preparat K-NN and backpropagation have the same classification accuracy of 92%. K-NN method is better in classifying single and multiple bacteria types than the backpropagation method. This system can be used as a tool for doctors and medical analysts to speed up the process of calculating tuberculosis bacteria and diagnosis of tuberculosis patients in the health field.

**Keywords:** Hue, Saturation, Value (HSV), Region of Interest (ROI), skeletonizing, Minutiae, Backpropagation

*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## KATA PENGANTAR

Alhamdulillah, puji syukur kehadirat Allah Yang Maha Esa, atas segala rahmat serta hidayah-Nya penulis dapat menyelesaikan naskah tesis dengan judul **“KLASIFIKASI BAKTERI TUBERKULOSIS PADA SAMPEL DAHAK MENGGUNAKAN K-NEAREST NEIGHBOR (K-NN) DAN BACKPROPAGATION”**. Naskah tesis ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat kelulusan pada program studi S2 Teknik Elektro Bidang Keahlian Jaringan Cerdas Multimedia.

Penulis menyadari bahwa penulisan naskah tesis ini tidak akan tersusun dengan baik tanpa adanya saran, bantuan, dan dukungan dari berbagai pihak. Untuk itu penulis menyampaikan terimakasih sebesar-besarnya kepada :

1. Prof. Dr. Ir. Mauridhi Hery Purnomo, M.Eng selaku pembimbing I yang telah meluangkan waktu untuk membimbing, mengarahkan, serta memberi saran dalam proses penyusunan buku tesis ini.
2. Dr. I. Ketut Eddy Purnama, S.T., M.T. selaku pembimbing II yang telah meluangkan waktu untuk membimbing, mengarahkan, serta memberi saran dalam proses penyusunan buku tesis ini.
3. Suamiku Prayugo Ardi Wibowo dan Ananda Lalitya Quillona Azura Wibowo atas doa yang tidak pernah putus, serta dukungan dan motivasinya yang tiada henti.
4. Mama, Ayah, Andaru Kirana Sahenda, dan Uti atas dukungan doa dan motivasi yang diberikan.
5. Teman-teman JCM 14 Mas Baskoro, Mas Fawaid, Mas Fauzi, Mas Afi, Mas Aris, Mbak Fera, Mbak Putri, Mas Awang, terimakasih atas semangatnya.
6. The Gendats Family yang selalu memberikan semangat dimanapun penulis berada. Tidak lupa Mbak Trina sekeluarga yang juga mendukung secara penuh agar penelitian ini dapat terselesaikan.

7. Berbagai pihak yang tidak bisa disebutkan satu persatu, teman yang selalu ada, memberikan informasi, saling mengingatkan, memberikan motivasi dan dukungan agar bersama-sama bisa menyelesaikan tesis ini.

Penulis menyadari bahwa askah tesis ini masih jauh dari sempurna, oleh karena itu penulis mengharapkan kritik dan saran membangun dari semua pihak guna menjadikan penelitian tesis ini menjadi lebih baik lagi.

Surabaya, 26 Juni 2018

Penulis

## DAFTAR ISI

LEMBAR PENGESAHAN .....	iii
PERNYATAAN KEASLIAN TESIS .....	v
ABSTRAK .....	vii
ABSTRACT .....	ix
KATA PENGANTAR .....	xi
DAFTAR ISI .....	xiii
DAFTAR GAMBAR .....	xvii
DAFTAR TABEL .....	xxi
BAB 1 PENDAHULUAN .....	1
1.1 Latar Belakang .....	1
1.2 Rumusan Masalah .....	6
1.3 Tujuan .....	6
1.4 Batasan Masalah .....	6
1.5 Kontribusi .....	6
1.6 Metodologi Penelitian .....	7
BAB 2 KAJIAN PUSTAKA .....	9
2.1 State of the Art .....	9
2.2 Tuberkulosis .....	9
2.3 Hue, Saturation, Value (HSV) .....	10
2.4 Operasi Morfologi .....	11
2.5 Region of Interest .....	14
2.6 Skeleton / Thinning .....	15
2.7 Minutiae .....	15
2.8 Backpropagation .....	16
2.9 K-Nearest Neighbor .....	17
2.10 Perhitungan Kemampuan Metode .....	18
BAB 3 METODOLOGI PENELITIAN .....	21
3.1 Data Penelitian .....	21



3.2	Desain Metode Penelitian.....	24
3.3	<i>Preprocessing</i> .....	25
3.3.1	Segmentasi Warna .....	25
3.3.2	Operasi Morfologi .....	26
3.4	Ekstraksi Fitur .....	26
3.4.1	<i>Region of Interest</i> .....	27
3.4.2	Skeleton .....	27
3.4.3	Lokalisasi Bakteri.....	27
3.4.4	Panjang Bakteri Tuberkulosis.....	27
3.4.5	Minutiae.....	28
3.5	Klasifikasi Bakteri.....	28
3.5.1	K-NN .....	29
3.5.2	Backpropagation.....	30
3.6	Perhitungan Akurasi Metode.....	32
BAB 4 HASIL DAN PEMBAHASAN .....		35
4.1	Data Penelitian .....	35
4.2	Data Sintetis .....	38
4.2.1	<i>Preprocessing</i> dan Segmentasi Citra Data Sintetis .....	38
4.2.2	Operasi Morfologi pada Data Sintetis .....	39
4.2.3	Region of Interest pada Data Sintetis .....	40
4.2.4	<i>Skeletonizing</i> pada Data Sintetis.....	41
4.2.5	Panjang Bakteri pada Data Sintetis .....	41
4.2.6	Minutiae pada Data Sintetis.....	42
4.2.7	Rangkuman Alur Pengerjaan Data Sintetis .....	45
4.3	Data Asli.....	49
4.3.1	<i>Preprocessing</i> dan Segmentasi Citra Data Asli.....	49
4.3.2	Operasi Morfologi pada Data Asli.....	52
4.3.3	ROI pada Data Asli .....	55
4.3.4	<i>Skeletonizing</i> pada Data Asli .....	58
4.3.5	Lokalisasi Bakteri .....	59
4.3.6	Menghitung Panjang Bakteri pada Data Asli .....	59
4.3.7	Menghitung <i>Endpoint</i> Bakteri pada Data Asli .....	60
4.3.8	Menghitung Percabangan Bakteri pada Data Asli.....	61

4.3.9	Klasifikasi .....	61
4.3.10	Rangkuman Alur Pengerjaan Data Asli .....	61
4.4	Validasi Data Fitur Bakteri .....	65
4.5	Klasifikasi Bakteri Tuberkulosis.....	65
4.6	<i>K-Nearest Neighbor</i> .....	66
4.6.1	<i>K-Nearest Neighbor</i> untuk Bakteri Tunggal .....	68
4.6.2	<i>K-Nearest Neighbor</i> untuk Bakteri Ganda.....	69
4.6.3	Kurva ROC untuk K-NN .....	70
4.7	<i>Backpropagation</i> .....	72
4.7.1	<i>Backpropagation</i> untuk Bakteri Tunggal.....	74
4.7.2	<i>Backpropagation</i> untuk Bakteri Ganda.....	75
4.7.3	Kurva ROC untuk <i>Backpropagation</i> .....	75
4.8	Perbandingan Metode Klasifikasi K-NN dan <i>Backpropagation</i> .....	78
BAB 5 KESIMPULAN.....		81
5.1	Kesimpulan .....	81
5.2	Penelitian Selanjutnya.....	82
DAFTAR RUJUKAN .....		83
LAMPIRAN.....		87
BIOGRAFI PENULIS .....		91

*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## DAFTAR GAMBAR

Gambar 1.1 Cara Mendeteksi Bakteri Tuberkulosis .....	1
Gambar 1.2 <i>X-Ray</i> Paru-Paru dari Penderita Tuberkulosis.....	2
Gambar 1.3 <i>Tuberculin Test</i> .....	2
Gambar 1.4 Pembacaan Preparat Sampel Dahak Menggunakan Mikroskop .....	3
Gambar 1.5 Cara Pembacaan Lapang Pandang pada Preparat Sampel Dahak .....	3
Gambar 1.6 Citra Digital Preparat Fluoresensi yang Digunakan Veropoulos .....	4
Gambar 1.7 Citra Digital dari Preparat yang Dilihat Menggunakan Mikroskop Fluoresensi .....	5
Gambar 1.8 Citra Digital dari Preparat yang Digunakan pada Penelitian .....	5
Gambar 2.1 Sampel Dahak yang Mengandung Bakteri Tuberkulosis .....	10
Gambar 2.2 Bakteri Tuberkulosis Tunggal dan Rangkap .....	10
Gambar 2.3 Model Warna HSV .....	11
Gambar 2.4 Proses Dilasi .....	12
Gambar 2.5 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah Dilasi .....	12
Gambar 2.6 Proses Erosi .....	12
Gambar 2.7 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah Erosi .....	13
Gambar 2.8 Proses Opening.....	13
Gambar 2.9 Proses Closing .....	14
Gambar 2.10 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah ROI.....	14
Gambar 2.11 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah Skeletonizing.....	15
Gambar 2.12 (a) <i>Bifurcation</i> pada Minutiae (b) <i>Ridge Ending</i> pada Minutiae.....	15
Gambar 2.13 Model Tiruan Sebuah Neuron .....	16
Gambar 2.14 Fungsi Aktivasi Sigmoid Biner .....	17
Gambar 3.1 Data Sintetis Bakteri Tuberkulosis.....	21
Gambar 3.2 (a) Preparat dengan Background Kuning (b) Hijau (c) Biru (d) Ungu	23
Gambar 3.3 Blok Diagram Sistem .....	24
Gambar 3.4 Panjang Bakteri Tuberkulosis adalah Jumlah Piksel Bernilai 1 .....	28
Gambar 3.5 Struktur Jaringan Syaraf Tiruan .....	30

Gambar 4.1 Data Sintetis Bakteri Tuberkulosis (a) Bakteri 1 (b) Bakteri 2 (c) Bakteri 3 (d) Bakteri 4 (e) Bakteri 5 (f) Bakteri 6 (g) Bakteri 7 (h) Bakteri 8 (i) Bakteri 9 (j) Bakteri 10 .....	35
Gambar 4.2 Data Asli Citra Digital Mikroskop (a) Kelompok Preparat Kuning (b) Kelompok Preparat Hijau (c) Kelompok Preparat Biru (d) Kelompok Preparat Gelap.....	37
Gambar 4.3 Hasil Opening Dan Closing pada Data Sintetis .....	40
Gambar 4.4 Wilayah yang merupakan ROI pada Data Sintetis .....	40
Gambar 4.5 ROI pada Data Sintetis .....	41
Gambar 4.6 Hasil Skeleton pada Data Sintetis.....	41
Gambar 4.7 Data Sintetis yang Dibuat Menyerupai Bakteri Tuberkulosis pada Preparat .....	45
Gambar 4.8 Langkah 1: Data Sintetis di Konversi dari Kanal Warna RGB ke kanal warna HSV.....	45
Gambar 4.9 Langkah 2: Dilakukan Operasi Morfologi Berupa <i>Opening</i> dan <i>Closing</i> pada Data Sintetis yang Berada pada Kanal Warna HSV .....	46
Gambar 4.10 Langkah 3: ROI untuk Memisahkan Bakteri Tuberkulosis dengan Background Ditandai dengan Bujur Sangkar Berwarna Hijau.....	46
Gambar 4.11 Langkah 4: Pemotongan Gambar Otomatis pada Gambar Biner Sesuai dengan Daerah yang Ditandai Sebagai ROI.....	46
Gambar 4.12 Langkah 5: <i>Skeletonizing</i> memperoleh bakteri selebar 1 piksel .....	47
Gambar 4.13 Citra Preparat Digital pada Kanal Warna HSV (a) Kelompok Kuning (b) Kelompok Hijau (c) Kelompok Biru (d) Kelompok Gelap .....	52
Gambar 4.14 Citra Preparat Digital setelah dilakukan <i>Opening</i> dan <i>Closing</i> (a) Kelompok Kuning (b) Kelompok Hijau (c) Kelompok Biru (d) Kelompok Gelap.....	54
Gambar 4.15 Region of Interest (a) Kelompok Kuning (b) Kelompok Hijau (c) Kelompok Biru (d) Kelompok Gelap .....	57
Gambar 4.16 Contoh Hasil Potongan Bakteri Setelah ROI .....	58
Gambar 4.17 Hasil <i>Cropping</i> Otomatis dari ROI.....	58
Gambar 4.18 Citra Digital Sampel Dahak Kelompok Preparat Kuning.....	62
Gambar 4.19 Langkah 1: Hasil konversi citra digital dari kanal warna RGB ke kanal warna HSV.....	62
Gambar 4.20 Langkah 2: Hasil Operasi Morfologi setelah Konversi ke Kanal Warna HSV .....	63

Gambar 4.21 Langkah 3: Menandai Bagian ROI pada Citra Digital .....	63
Gambar 4.22 Contoh Hasil Cropping Otomatis Setelah ROI .....	64
Gambar 4.23 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Kuning	71
Gambar 4.24 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Hijau..	71
Gambar 4.25 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Biru ...	72
Gambar 4.26 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Gelap.	72
Gambar 4.27 Perbandingan Akurasi Backpropagation berdasarkan Learning Rate .....	73
Gambar 4.28 Kurva ROC untuk Metode <i>Backpropagation</i> pada Kelompok Preparat Kuning .....	76
Gambar 4.29 Kurva ROC untuk Metode <i>Backpropagation</i> pada Kelompok Preparat Hijau.....	76
Gambar 4.30 Kurva ROC untuk Metode <i>Backpropagation</i> pada Kelompok Preparat Biru .....	77
Gambar 4.31 Kurva ROC untuk Metode <i>Backpropagation</i> pada Kelompok Preparat Gelap.....	77
Gambar 4.32 Perbandingan Akurasi Metode Backpropagation dan K-NN pada Setiap Kelompok Preparat.....	78
Gambar 4.33 Perbandingan Akurasi Metode K-NN dan Backpro dalam Mengklasifikasi Bakteri .....	79

*Halaman ini sengaja dikosongkan*



## DAFTAR TABEL

Tabel 2.1. <i>Confusion Matrix ROC</i> .....	19
Tabel 3.1. <i>Confusion Matrix</i> .....	32
Tabel 4.1 Konversi data sintetis dari ruang warna RGB ke ruang warna HSV .....	38
Tabel 4.2 Jumlah <i>Endpoint</i> pada Data Sintetis .....	43
Tabel 4.3 Jumlah Percabangan Bakteri pada Data Sintetis.....	44
Tabel 4.4 <i>Endpoint</i> Bakteri pada Data Sintetis .....	47
Tabel 4.5 Percabangan dari Data Sintetis .....	48
Tabel 4.6 Contoh Hasil <i>Skeletonizing</i> dari Bakteri Tuberkulosis.....	59
Tabel 4.7 Contoh Panjang Bakteri .....	60
Tabel 4.8 Contoh Hasil <i>Endpoint</i> dari Bakteri Tuberkulosis .....	60
Tabel 4.9 Contoh Hasil Percabangan dari Bakteri Tuberkulosis .....	61
Tabel 4.10 Langkah 4: <i>Skeletonizing</i> bakteri tuberkulosis.....	64
Tabel 4.11 Langkah 6 Hitung Panjang Bakteri, Setelah Lokalisasi (Langkah 5)..	64
Tabel 4.12 Langkah 7 Hitung <i>Endpoint</i> Bakteri Tuberkulosis .....	64
Tabel 4.13 Langkah 8 Hitung Cabang Bakteri Tuberkulosis.....	65
Tabel 4.14 Prosentase Klasifikasi Data Berdasarkan Nilai K.....	66
Tabel 4.15 Hasil klasifikasi bakteri tunggal dengan nilai $k=1$ .....	68
Tabel 4.16 Hasil klasifikasi bakteri tunggal dengan nilai $k=3$ .....	68
Tabel 4.17 Hasil klasifikasi bakteri ganda dengan nilai $k=1$ .....	69
Tabel 4.18 Hasil klasifikasi bakteri tunggal dengan nilai $k=9$ .....	70
Tabel 4.19 Prosentase Akurasi dalam Klasifikasi Bakteri Tuberkulosis Menggunakan <i>Backpropagation</i> .....	74
Tabel 4.20 Hasil klasifikasi bakteri tunggal menggunakan <i>backpropagation</i> .....	74
Tabel 4.21 Hasil klasifikasi bakteri ganda menggunakan <i>backpropagation</i> .....	75

*Halaman ini sengaja dikosongkan*

# BAB 1

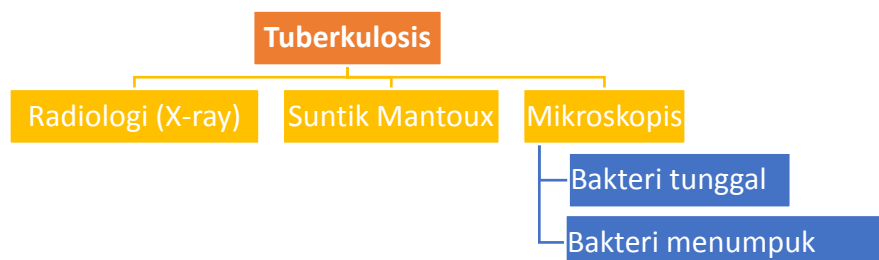
## PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Tuberkulosis (TBC) merupakan penyakit yang tidak asing ditelinga kita. Penyakit ini disebabkan oleh bakteri *Mycrobacterium Tuberculosis* dan ditemukan oleh Robert Koch pada tahun 1882 [1,2]. Bakteri ini berbentuk batang dan memiliki lebar 0,3-0,6 $\mu$ m dan panjang 1-4 $\mu$ m [4]. Bakteri ini dapat menular melalui udara saat penderita TBC mengalami batuk atau bersin.

*World Health Organization* (WHO) telah mencanangkan tuberkulosis karena tuberkulosis menjadi masalah kesehatan yang marak di dunia. Tuberkulosis merupakan penyakit infeksi mematikan nomor 1 di dunia. Berdasarkan laporan WHO pada tahun 2017 menyatakan bahwa terdapat 10.4 juta kasus tuberkulosis baru pada tahun 2016. Kenaikan kasus ini meningkat sangat signifikan dari 8.8 juta kasus baru pada tahun 2002. WHO juga melaporkan 1,7 juta pasien pengidap tuberkulosis meninggal dunia sepanjang 2016. 95% dari total jumlah kematian ini terjadi di negara dengan pendapatan rendah. India adalah negara yang mengalami kasus kematian pasien tuberkulosis yang diikuti oleh 6 negara lain, diantaranya Indonsia, China, Filipina, Pakistan, Nigeria dan Afrika Selatan [4]. Tuberkulosis juga merupakan penyebab kematian nomor tiga di Indonesia setelah penyakit jantung dan penyakit pernapasan akut [5].

Pemeriksaan tuberkulosis dapat dilakukan dengan berbagai cara, antara lain dengan pemeriksaan radiologi (*X-Ray*), tes *mantoux* atau *tuberculin test* dan pemeriksaan mikroskopis. Metode pendeteksian bakteri tuberkulosis dapat dilihat pada Gambar 1.1



Gambar 1.1 Cara Mendeteksi Bakteri Tuberkulosis

Cara pertama untuk mendeteksi tuberkulosis yaitu menggunakan *X-ray*, karena bakteri tuberkulosis menginfeksi bagian paru-paru dibagian dada, *X-ray* adalah salah satu cara untuk mendeteksi adanya tuberkulosis. Gambar *X-ray* dari penderita tuberkulosis dapat dilihat pada Gambar 1.2.



Gambar 1.2 *X-ray* Paru-Paru dari Penderita Tuberkulosis [6]

Cara kedua adalah dengan menggunakan tes *mantoux* atau *tuberculin test* dengan menyuntikkan tuberkulin dilengan pasien yang diduga menderita tuberkulosis. Individu yang terkena tuberkulosis akan bereaksi dengan tuberculin dengan menunjukkan kemerahan di area kulit yang disuntik dalam waktu 48-72 jam. Jika pasien positif terinfeksi bakteri tuberkulosis maka kulit akan menebal selebar 5-15mm. Lebarnya penebalan pada lengan juga menunjukkan keparahan pasien terinfeksi tuberkulosis [7]. Tuberculin test dapat dilihat pada Gambar 1.3.



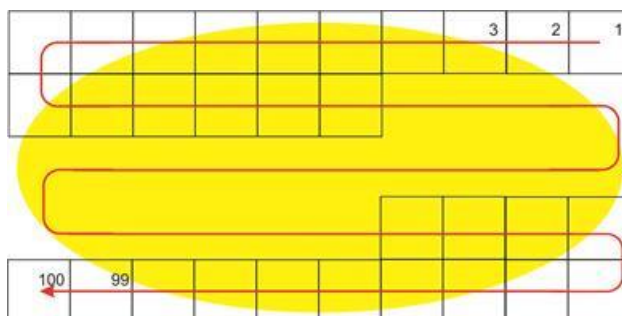
Gambar 1.3 *Tuberculin Test* [8]

Metode analisis mikroskopis adalah metode ketiga yang dapat digunakan untuk mendeteksi tuberkulosis. Analisis mikroskopis menggunakan sampel dahak melalui dahak yang diletakkan di preparat yang kemudian diwarnai sehingga bakteri tuberkulosis terlihat berwarna merah dan dapat dibedakan dari dahak. Teknik pewarnaan ini dinamakan teknik *Ziehl Neelsen* [9]. Preparat yang sudah diberi pewarnaan kemudian diamati dengan menggunakan mikroskop untuk menghitung jumlah bakteri tuberkulosis yang terkandung di dalam dahak penderita.



Gambar 1.4 Pembacaan Preparat Sampel Dahak Menggunakan Mikroskop [9]

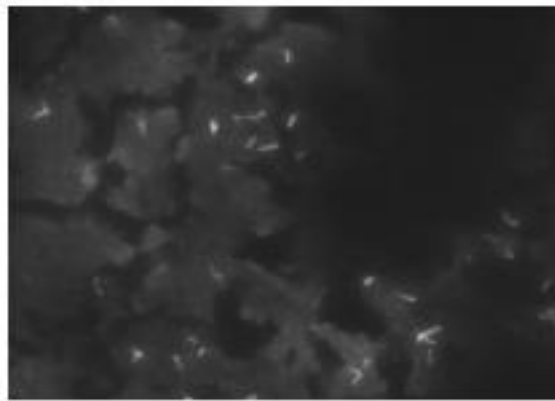
Metode yang umum digunakan di Indonesia, adalah dengan pemeriksaan mikroskopis. Metode mikroskopis banyak dilakukan karena mudah, murah, dan cepat [10]. Pada metode mikroskopis, penentuan positif atau tidaknya terjangkit tuberkulosis ditentukan oleh banyaknya bakteri yang terdapat dalam sampel dahak. Satu preparat yang berisi sampel dahak menghasilkan 100 lapang pandang. Bakteri tuberkulosis dihitung pada setiap lapang pandang. Cara pembacaan preparat tuberkulosis dapat dilihat pada Gambar 1.5



Gambar 1.5 Cara Pembacaan Lapang Pandang pada Preparat Sampel Dahak

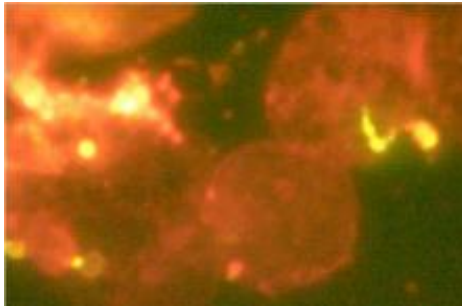
Penghitungan bakteri tuberkulosis saat ini masih menggunakan cara manual. Yaitu dengan menghitung bakteri yang berada pada sampel dahak menggunakan mata telanjang. Cara penghitungan seperti ini membutuhkan waktu yang lama dan tidak akurat. Karena sangat bergantung pada konsentrasi laboran yang menghitung bakteri [11]. Selain itu, di beberapa negara berkembang, laboran memiliki kemampuan terbatas untuk mendeteksi bakteri secara manual, mengakibatkan kelelahan, dan penurunan kualitas pembacaan preparat [12]. Fakta ini menunjukkan bahwa sangat diperlukannya sebuah sistem otomatis yang dapat dengan mudah mengidentifikasi dan menghitung bakteri tanpa bantuan mata telanjang.

Terdapat beberapa penelitian yang telah dilakukan untuk mengidentifikasi bakteri tuberkulosis misalnya penelitian yang dilakukan oleh Veropoulos dkk [11,13] yang menggunakan *shape descriptor* dan *neural network* untuk mendeteksi bakteri tuberkulosis di citra digital dari mikroskop fluoresensi atau *ultraviolet microscope* yang menghasilkan akurasi sebesar 97.57%. citra digital dari mikroskopi fluoresensi yang digunakan pada penelitian ini dapat dilihat pada Gambar 1.6.



Gambar 1.6 Citra Digital Preparat Fluoresensi yang Digunakan Veropoulos [13]

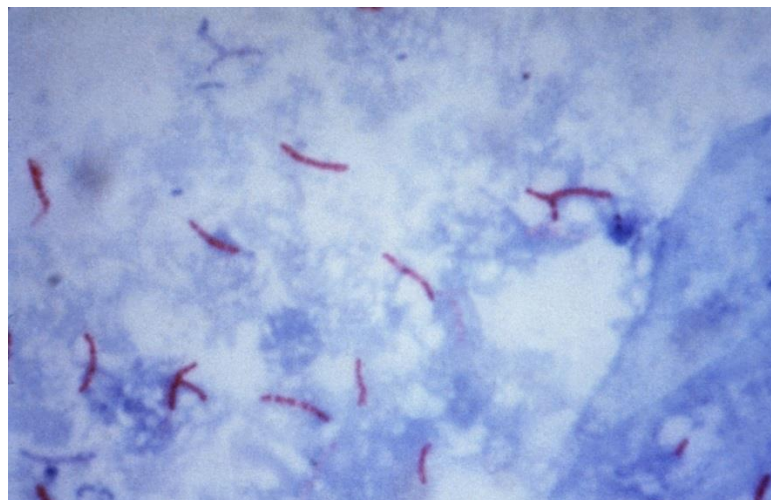
Ferero [14,15] juga menggunakan mikroskop citra digital dari mikroskop fluoresensi. Ferero menggunakan *fourrier descriptor* dan menerapkan metode *K-Means* mengidentifikasi bakteri tuberkulosis. Penelitiannya menghasilkan *specificity* sebesar 91.68% sensitifitas sebesar 100%. Gambar 1.7 menunjukkan citra digital yang digunakan.



Gambar 1.7 Citra Digital dari Preparat yang Dilihat Menggunakan Mikroskop Fluoresensi [15]

Ibnu dkk mengembangkan algoritma untuk mengidentifikasi bakteri tuberkulosis dengan menggunakan *shape descriptor* untuk mendapatkan fitur bakteri lalu menggunakan *neural networks* untuk mengidentifikasi bakteri. Penelitian ini menghasilkan akurasi sebesar 88% [16]. Nelly dan Kusworo juga mengidentifikasi bakteri tuberkulosis secara otomatis menggunakan metode *Otsu* untuk memisahkan bakteri dengan background. Identifikasi bakteri tuberkulosis dilakukan dengan menggunakan *backpropagation*. Penelitian ini berhasil mengidentifikasi kedelapan objek bakteri tuberkulosis dalam satu gambar [17].

Khutlang dkk. juga meneliti tentang bakteri tuberkulosis dengan melakukan segmentasi bakteri menggunakan kombinasi klasifikasi piksel dua kelas dengan *hausdorff distance*, lalu melakukan ekstraksi fitur menggunakan *fisher transformasi* dan mengklasifikasi bakteri menggunakan kNN, PNN dan SVM. Penelitian ini menghasilkan 95% keakuratan dalam mendeteksi bakteri [12].



Gambar 1.8 Citra Digital dari Preparat yang Digunakan pada Penelitian [12,16,17]



## **1.2 Rumusan Masalah**

Dalam citra mikroskopis, sulit dibedakan mana yang merupakan bakteri tuberkulosis dan mana yang bukan bakteri dikarenakan ukuran bakteri tuberkulosis terlihat sangat kecil. Selain itu terdapat citra bakteri tuberkulosis yang terlihat menumpuk, sehingga sulit dihitung secara akurat dengan mata telanjang.

Berdasarkan penelitian-penelitian diatas, beberapa penelitian hanya bertujuan untuk mengidentifikasi dan mensegmentasi bakteri tuberkulosis, namun belum ada sistem yang mampu mengklasifikasi mana yang merupakan bakteri tuberkulosis tunggal dan mana yang merupakan bakteri tuberkulosis rangkap. Selain itu citra yang digunakan pada penelitian diatas menggunakan mikroskop flourosensi dan menggunakan citra mikroskop yang tidak ideal sehingga citra bakteri tuberkulosis terlihat sangat jelas dan mudah diidentifikasi.

## **1.3 Tujuan**

Penelitian ini bertujuan untuk melakukan klasifikasi bakteri tuberkulosis menggunakan backpropagation berdasarkan fitur panjang bakteri, *endpoint*, dan percabangan.

## **1.4 Batasan Masalah**

Penelitian ini menguji citra mikroskopis bakteri tuberkulosis dengan berbagai warna latar preparat karena pengaruh pewarnaan saat pembuatan preparat.

## **1.5 Kontribusi**

Kontribusi yang diharapkan dari hasil penelitian ini adalah membantu analisis medis untuk menghitung jumlah bakteri tuberkulosis yang terdapat apada citra mikroskopis sehingga penghitungan jumlah bakteri tidak dilakukan secara manual menggunakan mikroskop dengan mata telanjang.

## 1.6 Metodologi Penelitian

Pada penelitian ini, tahapan awal yang dilakukan adalah *preprocessing* yaitu dengan mengkonversi gambar ke ruang warna HSV lalu dilakukan operasi morfologi yaitu *opening* (erosi-dilasi) dan *closing* (dilasi-erosi). Langkah selanjutnya menemukan mana yang merupakan bakteri menggunakan ROI, setelah bakteri dideteksi, langkah selanjutnya adalah *skeletonizing* gambar bakteri. Dari gambar bakteri tuberkulosis yang sudah di *skeleton*, didapatkan fitur berupa *endpoint* bakteri, panjang bakteri dan percabangan bakteri. Fitur yang didapatkan akan menjadi inputan metode klasifikasi bakteri tuberkulosis. Metode klasifikasi yang digunakan adalah *backpropagation*.

*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## **BAB 2**

### **KAJIAN PUSTAKA**

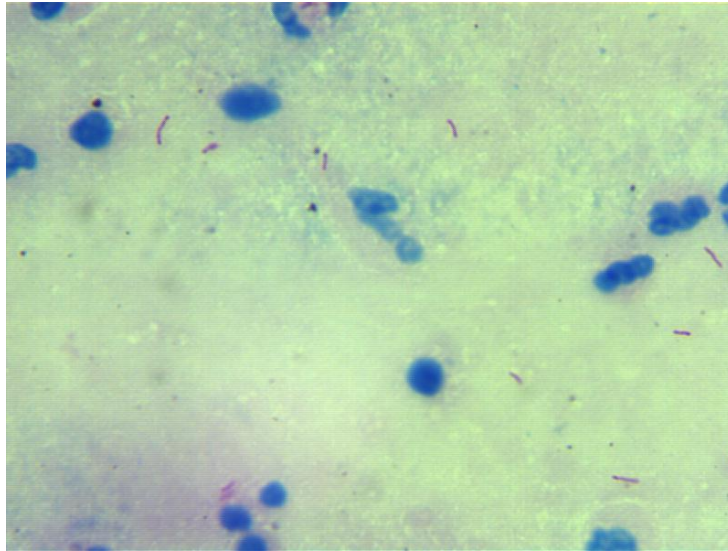
#### **2.1 State of the Art**

Penelitian yang menjadi acuan pada penelitian ini dilakukan oleh Khutlang [12] dengan judul *Classification of Microbacterium tuberculosis in Images of ZN-Stained Sputum Smears*. Penelitian ini bertujuan untuk mempercepat proses pendeteksian bakteri tuberkulosis. *Canny edge detection* digunakan untuk segmentasi bakteri, *edge pixel linkage* dan *morphological closing* digunakan untuk melengkapi kontur yang rusak, menggunakan *fuzzy thresholding* untuk segmentasi. Dan menggunakan *Support Vector Machine (SVM)* mendeteksi mana yang bakteri dan bukan bakteri.

Terdapat pula penelitian untuk mengidentifikasi bakteri tuberkulosis dengan menggunakan metode segmentasi warna [14,15,17,18]. Ibnu [16] juga melakukan penelitian mengenai penggunaan image segmentation menggunakan metode *color extraction* secara manual. Selain itu Kusworo juga menggunakan segmentasi warna secara otomatis dalam kanal warna HSV dengan mengklasifikasikan bakteri menggunakan *Artificial Neural Network (ANN)*.

#### **2.2 Tuberkulosis**

Tuberkulosis adalah penyakit yang disebabkan oleh *Microbacterium tuberculosis*. Bakteri tuberkulosis berbentuk batang dan memiliki lebar 0,3-0,6 $\mu$ m dan panjang 1-4 $\mu$ m [5]. Bakteri tuberkulosis masuk ke dalam paru-paru melalui udara dan dapat menyebar dengan cepat melalui kelenjar dan pembuluh darah getah bening [19]. Tuberkulosis dapat menyebar melalui batuk ke orang lain, lalu mengendap di paru-paru. Bakteri yang berada di paru-paru dapat terus berkembang biak, jika manusia memiliki daya imun tubuh yang rendah. Bakteri tuberkulosis juga dapat menyerang bagian tubuh lain seperti tulang, ginjal, otak dan kulit [14].



Gambar 2.1 Sampel Dahak yang Mengandung Bakteri Tuberkulosis

Bakteri tuberkulosis dapat hidup ditubuh selama beberapa tahun sebagai bakteri nonaktif. Ketika bakteri tuberkulosis dalam keadaan tidak aktif, maka tidak dapat menular ke orang lain [20]. Berbahayanya penyakit tuberkulosis ini menjadi perhatian di dunia agar dapat ditangani dengan cepat [14,15].

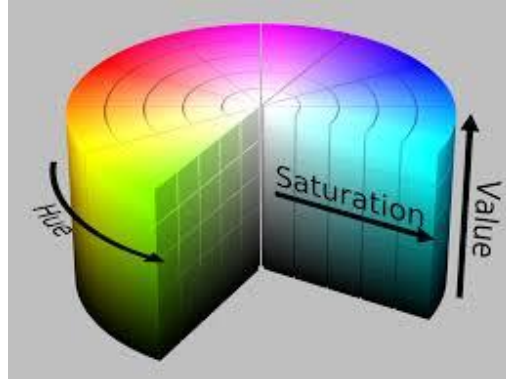
Bakteri tuberkulosis secara kasat mata dapat dibedakan menjadi dua, yaitu bakteri tunggal dan bakteri rangkap. Bakteri rangkap terdiri dari dua atau lebih bakteri tuberkulosis yang letaknya berjajar dan/atau menumpuk seperti gambar b, c, dan d. Sementara bakteri tunggal ditunjukkan oleh Gambar 2.2.



Gambar 2.2 Bakteri Tuberkulosis Tunggal dan Rangkap

### 2.3 Hue, Saturation, Value (HSV)

*Hue, Saturation, Value* (HSV) adalah model warna yang diciptakan oleh Alvy Ray pada tahun 1978 dan dikembangkan menggunakan sistem koordinat polar [21]. *Hue* merelasikan panjang cahaya dan disusun melingkar dengan kata lain, *hue* menyatakan keluarga warna dalam satuan derajat yang bernilai 0°-360°[22]. *Saturation* menyatakan sensasi/intensitas warna yang mengindikasikan seberapa banyak warna putih yang diberikan pada warna. *Value* menyatakan derajat keabuan atau terang-gelap warna.



Gambar 2.3 Model Warna HSV

Langkah pertama yang dilakukan adalah mengkonversi gambar dari ruang warna RGB menjadi ruang warna HSV. Dengan persamaan sebagai berikut :

$$H = \begin{cases} 0 + \frac{43 \times |G - B|}{\text{Max}(R, G, B) - \text{Min}(R, G, B)}, \text{Max}(R, G, B) = R \\ 85 + \frac{43 \times |B - R|}{\text{Max}(R, G, B) - \text{Min}(R, G, B)}, \text{Max}(R, G, B) = G \\ 171 + \frac{43 \times |R - G|}{\text{Max}(R, G, B) - \text{Min}(R, G, B)}, \text{Max}(R, G, B) = B \end{cases} \quad (2.1)$$

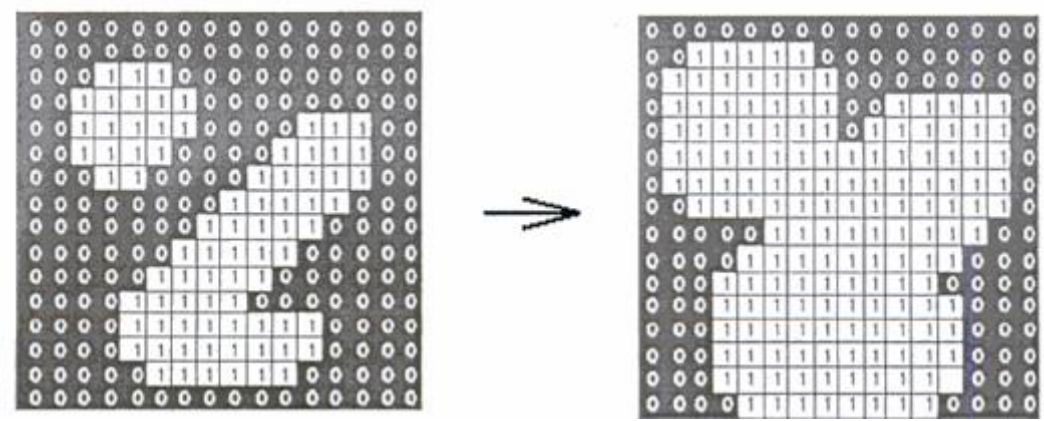
$$S = 255 \times \frac{\{\text{Max}(R, G, B) - \text{Min}(R, G, B)\}}{\text{Max}(R, G, B)} \quad (2.2)$$

$$V = \text{Max}(R, G, B) \quad (2.3)$$

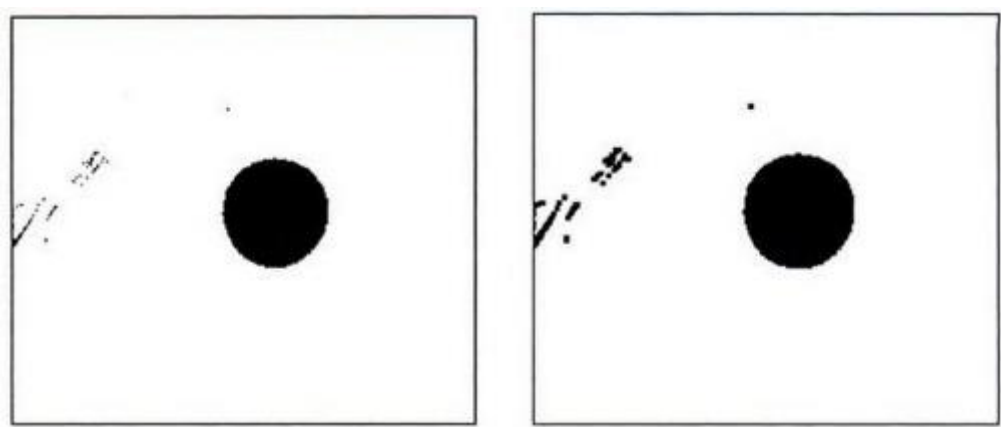
## 2.4 Operasi Morfologi

Operasi morfologi adalah teknik pengolahan citra yang didasarkan pada bentuk *region* dalam citra. Beberapa contoh operasi morfologi antara lain dilasi, erosi, *opening* dan *closing*. Dilasi adalah menebalkan wilayah yang cerah pada citra sehingga dapat diartikan citra menjadi lebih tebal. Proses dilasi dapat dilihat pada Gambar 2.4. Contoh proses dilasi yang diterapkan pada sebuah gambar dapat dilihat pada Gambar 2.5. Sementara erosi adalah membuat wilayah yang cerah pada citra menjadi lebih tipis, bersamaan dengan menebalkan daerah yang gelap, sehingga menghasilkan citra yang lebih tipis [23]. Proses dilasi dapat dilihat pada

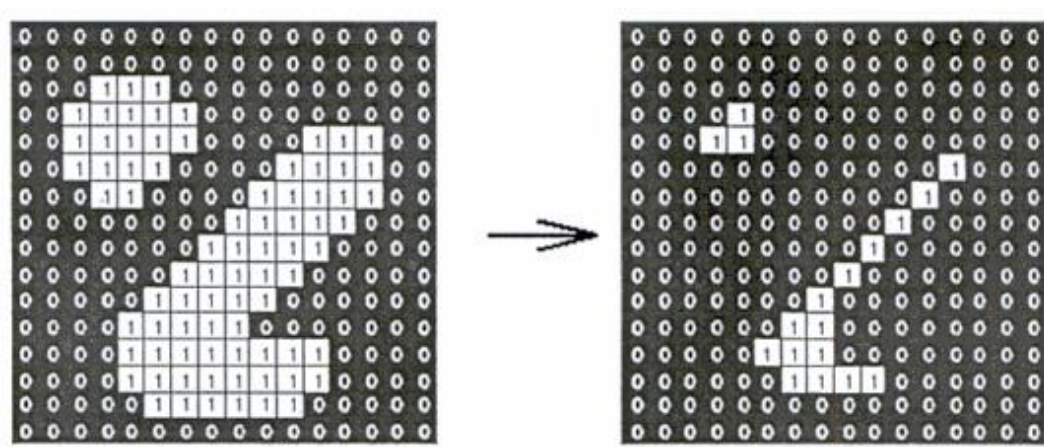
Gambar 2.6. Contoh proses dilasi yang diterapkan pada sebuah gambar dapat dilihat pada Gambar 2.7.



Gambar 2.4 Proses Dilasi [24]

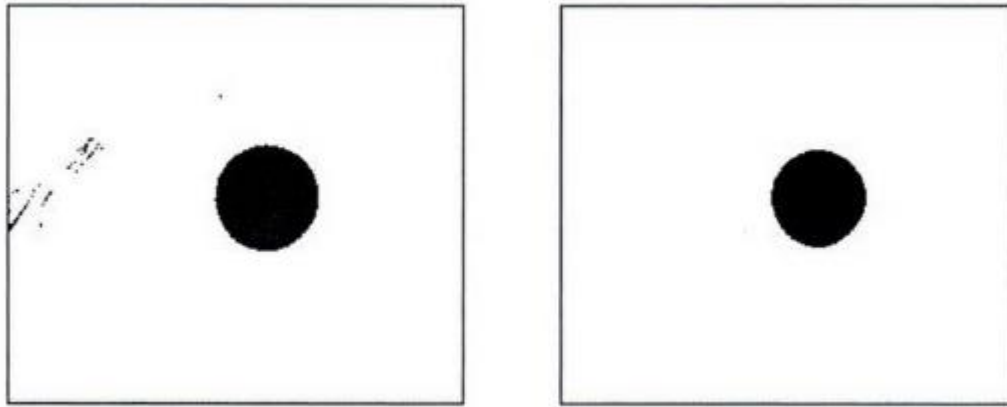


Gambar 2.5 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah Dilasi [25]



Gambar 2.6 Proses Erosi [24]



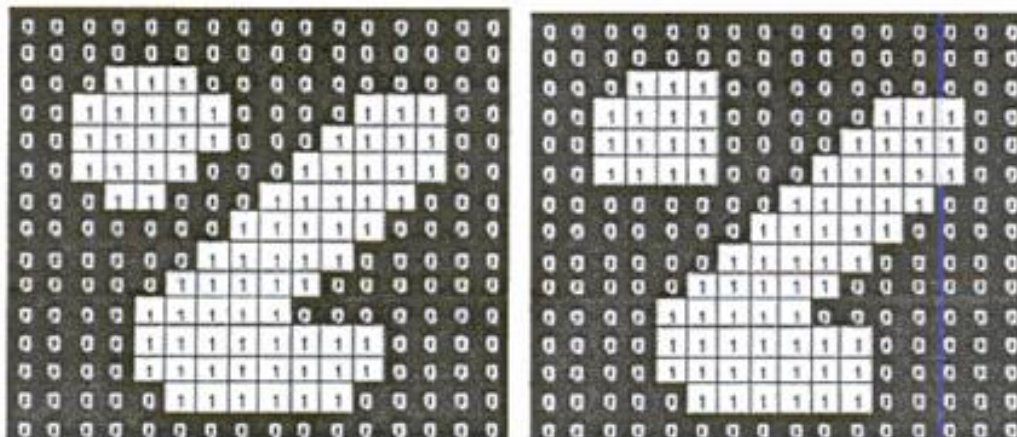


Gambar 2.7 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah Erosi [25]

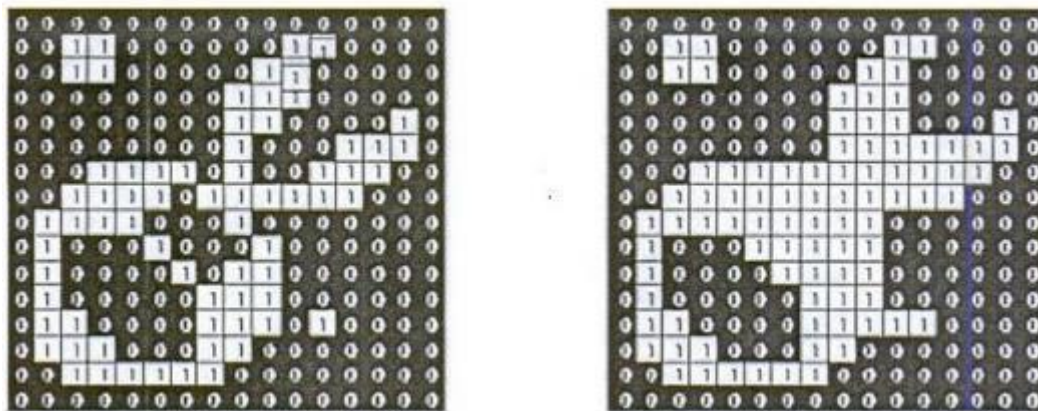
*Opening* adalah operasi morfologi yang terdiri dari erosi dan dilasi, sementara *closing* adalah operasi morfologi yang terdiri dari dilasi dan erosi. *Opening* digunakan untuk mengurangi *noise* pada citra dan *closing* digunakan untuk mengisi lubang-lubang kecil pada citra. Operasi matematika dari *opening* dan *closing* ditunjukkan melalui persamaan 2.4 dan 2.5 [26]. Ilustrasi dari proses opening dapat dilihat pada Gambar 2.8 dan proses closing pada gambar 2.9.

$$A \circ B = (A \ominus B) \oplus B \quad (2.4)$$

$$A \bullet B = (A \oplus B) \ominus B \quad (2.5)$$



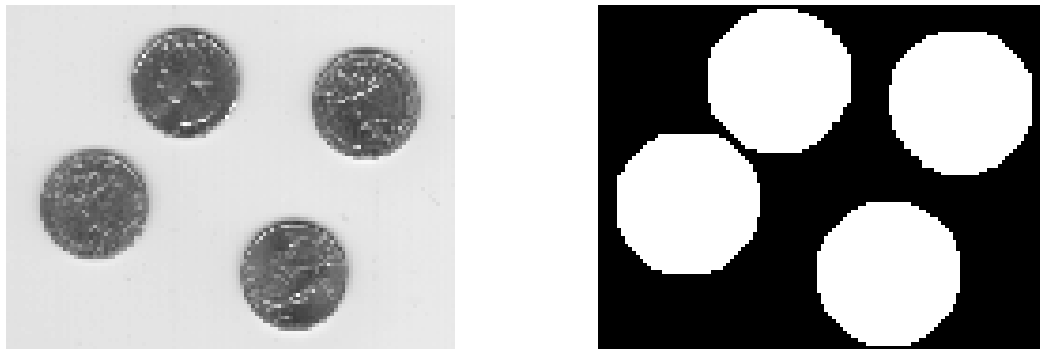
Gambar 2.8 Proses Opening [24]



Gambar 2.9 Proses Closing [24]

## 2.5 Region of Interest

*Region of Interest* (ROI) adalah salah satu dari banyak metode yang biasa digunakan untuk mensegmentasi citra. *Region of Interest* digunakan untuk membatasi gambar yang akan diseleksi untuk mengurangi bagian yang tidak digunakan dalam pengolahan citra [27]. Penentuan *Region of Interest* adalah dengan menggunakan binary mask atau gambar biner dari citra yang akan di proses, pada gambar binary yang telah dibuat, area yang ditandai sebagai ROI bernilai 1, dan area yang lain bernilai 0.

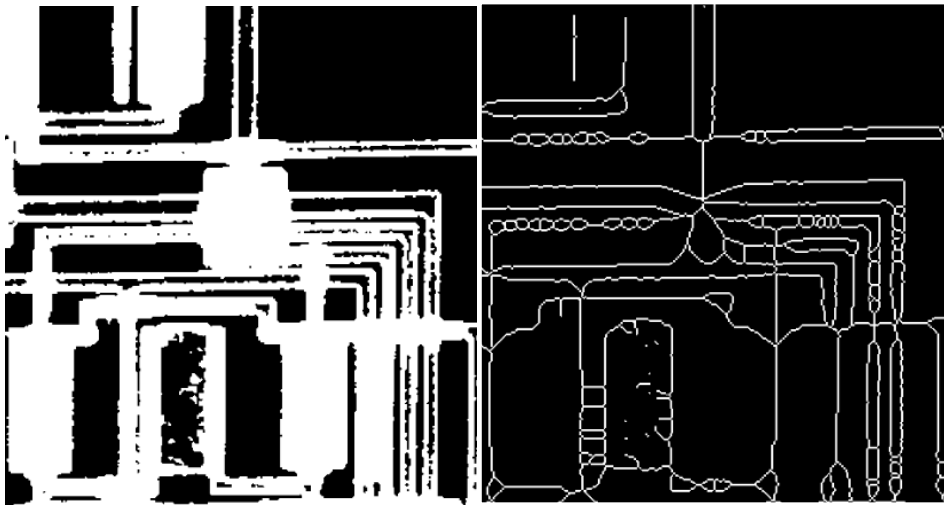


Gambar 2.10 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah ROI [28]

ROI dapat berupa bujur sangkar yang ditentukan oleh user untuk menentukan bagian citra yang diinginkan untuk diproses. Tidak hanya berupa bujur sangkar, ROI dapat berupa lingkaran, atau poligon. Dalam sebuah gambar dapat memuat banyak ROI.

## 2.6 Skeleton / Thinning

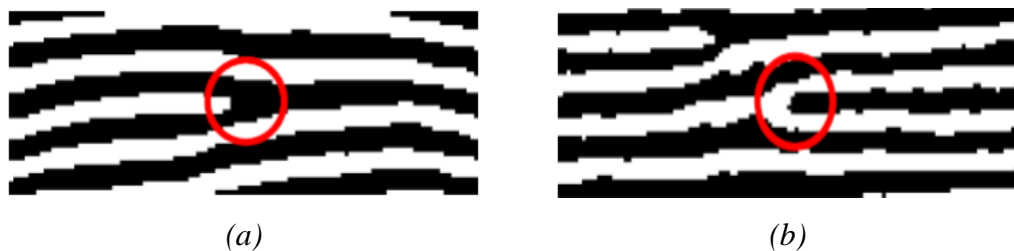
Proses skeleton (*skeletonizing*) berfungsi untuk mereduksi piksel-piksel pada gambar biner menjadi piksel dengan nilai sama dengan nilai piksel *background* gambar. Sehingga menghasilkan gambar biner dengan ketebalan satu piksel. Proses skeleton pada sebuah obyek tidak hanya berguna untuk mereduksi jumlah data tetapi juga menghasilkan topologi dari sebuah objek [29].



Gambar 2.11 Contoh Gambar Sebelum dan Setelah *Skeletonizing* [30]

## 2.7 Minutiae

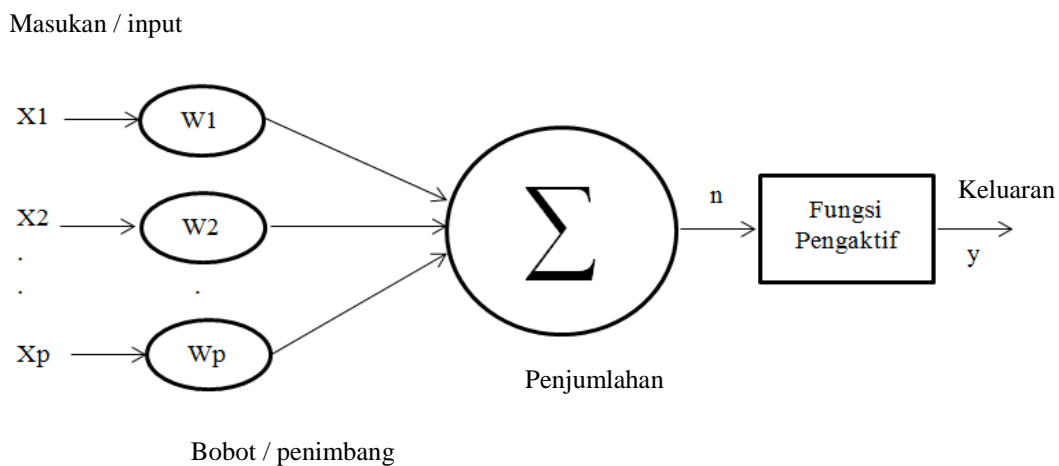
*Minutiae* adalah guratan-guratan yang terdapat pada kulit ujung jari tangan manusia yang membentuk pola sidik jari manusia. Dua fitur *minutiae* yang digunakan pada penelitian ini adalah *Ridge ending* dan *bifurcation*. *Ridge ending* adalah akhir dari sebuah guratan dan *bifurcation* adalah perbaccangan dari sebuah guratan. Ilustrasi dari *ridge ending* dan *bifurcation* dapat dilihat pada Gambar 2.12 [17].



Gambar 2.12 (a) *Bifurcation* pada minutiae (b) *Ridge Ending* pada minutiae [17]

## 2.8 Backpropagation

Jaringan Saraf Tiruan adalah jaringan unit pemroses yang dimodelkan berdasarkan sistem saraf manusia. JST merupakan sistem yang adaptif karena dapat mengubah struktur untuk memecahkan masalah berdasarkan informasi eksternal maupun internal yang mengalir melalui jaringan tersebut. Gambar 2.13 adalah contoh JST dengan  $x$  adalah masukan dan  $y$  sebagai nilai keluaran

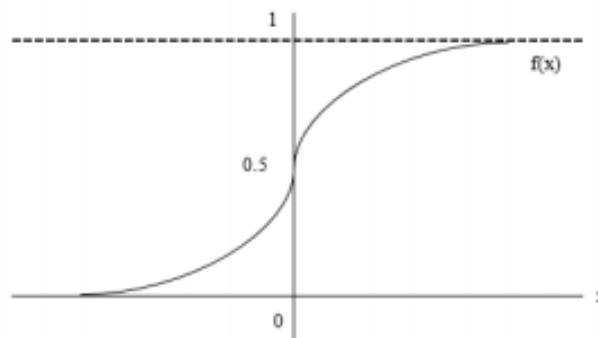


Gambar 2.13 Model Tiruan Sebuah Neuron [31]

Jaringan Saraf Tiruan yang digunakan adalah *Multilayer Perceptron* (MLP), dimana prosesnya memiliki parameter yang sangat berpengaruh, diantaranya adalah :

1. Inisialisasi penimbang. Penimbang awal digunakan secara acak dengan jangkauan  $[-0.5 \text{ sampai } 0.5]$  atau  $[-1 \text{ sampai } 1]$ .
2. Laju pelatihan  $\beta$  (*learning rate*). Parameter ini sangat berpengaruh dalam proses pelatihan. Nilai parameter pada laju pelatihan ini menggunakan rentang 0 sampai 1. Jika dalam pelatihan menggunakan nilai  $\beta$  yang cukup kecil maka menyebabkan jumlah iterasi bertambah sehingga hasil model menjadi lebih baik.
3. Momentum. Parameter ini digunakan untuk mempercepat proses pencapaian target error dengan *learning rate* kecil. Biasanya nilai momentum yang digunakan dalam rentang 0.5 sampai 0.9.

4. Jumlah iterasi (*Epoch*). Parameter ini digunakan untuk menghentikan target error yang belum tercapai dalam proses pelatihan. Target error tidak tercapai karena data tidak linier, sehingga jumlah maksimal iterasilah yang digunakan.
5. Target error merupakan selisih nilai antara nilai output yang diharapkan dengan nilai output yang didapatkan. Pada umumnya yang digunakan adalah MSE (*Mean of Square Error*) dengan nilai 0.001 atau 0.0001.
6. Jumlah lapisan tersembunyi (*hidden layer*). Biasanya jumlah neuron yang digunakan sebagai lapis tersembunyi adalah hasil jumlah input dan output dibagi 2.
7. Fungsi aktivasi yang digunakan untuk meneruskan sinyal ke neuron lain. Pada penelitian ini fungsi aktivasi yang digunakan adalah sigmoid biner, dimana dilambangkan dengan sebuah kurva seperti Gambar 2.14.



Gambar 2.14 Fungsi Aktivasi Sigmoid Biner [31]

Fungsi sigmoid biner memiliki nilai pada range 0 – 1, dimana secara matematis dituliskan dengan persamaan :

$$y = f(x) = \frac{1}{1+e^{-x}} \quad (2.6)$$

$$f'(x) = f(x)(1 - f(x)) \quad (2.7)$$

## 2.9 K-Nearest Neighbor

Algoritma K-Nearest Neighbor (K-NN) adalah sebuah metode untuk mengklasifikasi yang merupakan *instance-based* yang algoritmanya termasuk dalam kategori *lazy learning*. Prinsip dasar dari K-NN adalah mencari jumlah

tetangga terdekat (nilai k) yang memiliki jarak terdekat dengan data baru atau data testing [32].

Dekat atau jauhnya tetangga dihitung dengan formula *Euclidean Distance*. Kedekatan berbanding terbalik dengan jarak. Semakin kecil jarak antara dua data menunjukkan semakin besar kedekatan antara kedua data tersebut. *Euclidean Distance* dihitung menggunakan Persamaan 2.8.

$$d(x_i, x_j) = \sqrt{\sum_{r=1}^n (x_{ir} - x_{jr})^2} \quad (2.8)$$

Keterangan :  $x_i$  = Data Sampel  
 $x_j$  = Data Uji  
 $r$  = Variabel Data  
 $d$  = Jarak Euclidean  
 $n$  = Dimensi data

Langkah-langkah klasifikasi K-Nearest Neighbor antara lain :

1. Menentukan jumlah k, dimana k adalah tetangga terdekat.
2. Menghitung jarak antara data training dan data testing menggunakan formula *Euclidean Distance*.
3. Mengurutkan jarak dan menentukan tetangga terdekat berdasarkan jarak dari k.
4. Cek klasifikasi dari masing-masing tetangga terdekat.
5. Klasifikasi data testing sesuai dengan mayoritas kelas tetangga terdekat.

## 2.10 Perhitungan Kemampuan Metode

Teknik ROC (*Receiver Operating Characteristic*) merupakan teknik untuk menghitung *performance* atau kemampuan dari sebuah metode. Teknik ROC memiliki empat nilai karakteristik, diantaranya adalah *True Positive* (TP), *False Positive* (FP), *False Negative* (FN), dan *True Negative* (TN) seperti pada Tabel 2.1

Tabel 2.1. *Confusion Matrix ROC*

		Target	
		P	N
Hasil Identifikasi	P	TP ( <i>True Positive</i> )	FP ( <i>False Positive</i> )
	N	FN ( <i>False Negative</i> )	TN ( <i>True Negative</i> )

TP (*True Positive*) menunjukkan bahwa target P terklasifikasi /teridentifikasi dengan tepat sesuai kelasnya. FP (*False Positive*) menunjukkan bahwa target N tidak teridentifikasi dengan tepat pada kelasnya melainkan anggota kelas P. TN (*True Negative*) menunjukkan target N teridentifikasi tepat sesuai dengan kelasnya. Sedangkan FN (*False Negative*) menunjukkan bahwa target P teridentifikasi sebagai anggota kelas N.

Dari keempat nilai tersebut didapatkan perhitungan matematis untuk *True Positive Rate* (TPR) yang menunjukkan target teridentifikasi sesuai dengan kelasnya ditunjukkan pada Persamaan 2.9

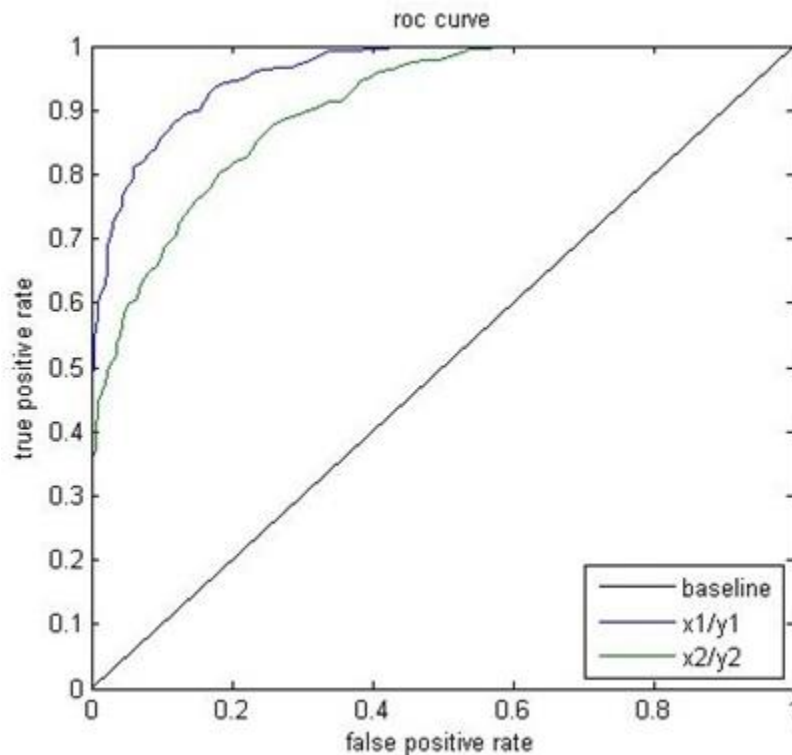
$$TPR = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2.9)$$

Sedangkan nilai yang menunjukkan target tidak teridentifikasi dengan benar sesuai kelasnya disebut dengan *False Positive Rate* (FPR), dimana persamaan matematisnya ditampilkan pada Persamaan 2.10. Dari dua persamaan ini didapatkan perhitungan matematis untuk nilai akurasi dalam proses klasifikasi pada Persamaan 2.11

$$FPR = \frac{FP}{FP + TN} \quad (2.10)$$

$$\text{akurasi} = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} \times 100\% \quad (2.11)$$

Selanjutnya untuk menggambarkan hubungan variabel *sensitivity* dan *specificity* adalah dengan menggunakan grafik kurva ROC. Grafik kurva ROC memiliki batas nilai 0 hingga 1. *Area Under the Curve* (AUC) atau biasa disebut dengan area dibawah kurva merupakan representasi tentang kesesuaian metode yang diujikan. Contoh dari grafik ROC ditunjukkan pada Gambar 2.15.



Gambar 2.15 Contoh Grafik ROC

Kinerja sebuah metode semakin baik ketika kurva semakin menjauhi garis diagonal dan semakin buruk ketika mendekati garis diagonal. Pedoman instrumentasi nilai AUC adalah sebagai berikut:

1.0 – 0.97 = Istimewa

0.97 – 0.92 = Sangat baik

0.92 – 0.75 = Baik

0.75 – 0.50 = Cukup

Batas bawah nilai AUC adalah 0.5. Jika hasil  $AUC < 0.5$  maka metode yang digunakan hanya mendebak hasil yang diperoleh.



## BAB 3

### METODOLOGI PENELITIAN

#### 3.1 Data Penelitian

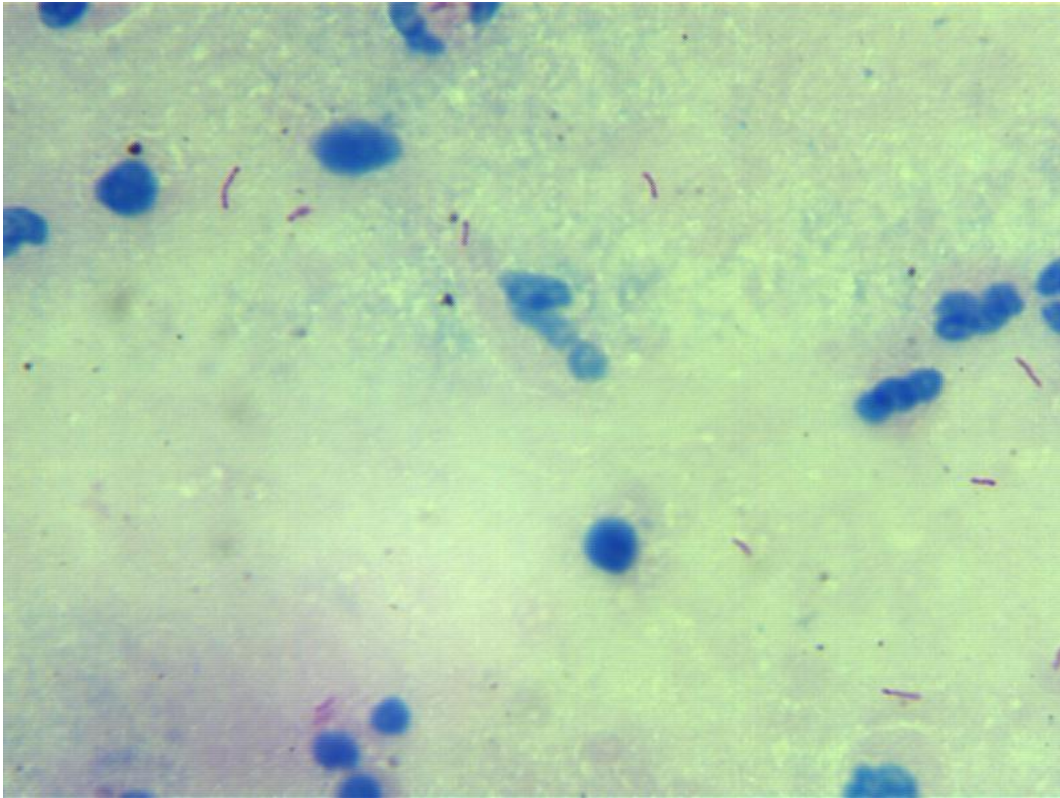
Penelitian ini menggunakan dua jenis data set gambar bakteri tuberkulosis yaitu data sintetis dan data asli. Data sintetis adalah gambar bakteri tuberkulosis yang dibuat menggunakan aplikasi editing gambar dengan karakteristik yang menyerupai gambar preparat bakteri tuberkulosis. Sedangkan data asli adalah citra digital dari preparat sampel dahak yang ditangkap menggunakan mikroskop. Mikroskop menangkap gambar dari preparat yang sudah diberi sampel dahak dari pasien yang diduga terjangkit bakteri tuberkulosis, yang kemudian dilakukan pewarnaan dengan metode *Ziehl Neelsen*. Data asli bakteri tuberkulosis diperoleh dari Politeknik Kesehatan (Poltekes) Surabaya.

Data sintetis terdiri dari 10 gambar yang terdiri dari bakteri tuberkulosis tunggal dan rangkap sedangkan data asli berjumlah 40 gambar preparat berukuran 800x600 piksel. Data asli dibagi menjadi 4 kelompok berdasarkan warna background yang preparat antara lain kekuningan, kehijauan, keunguan, dan gelap. Perbedaan warna citra preparat dipengaruhi oleh kualitas cahaya dan perbedaan metode pewarnaan.

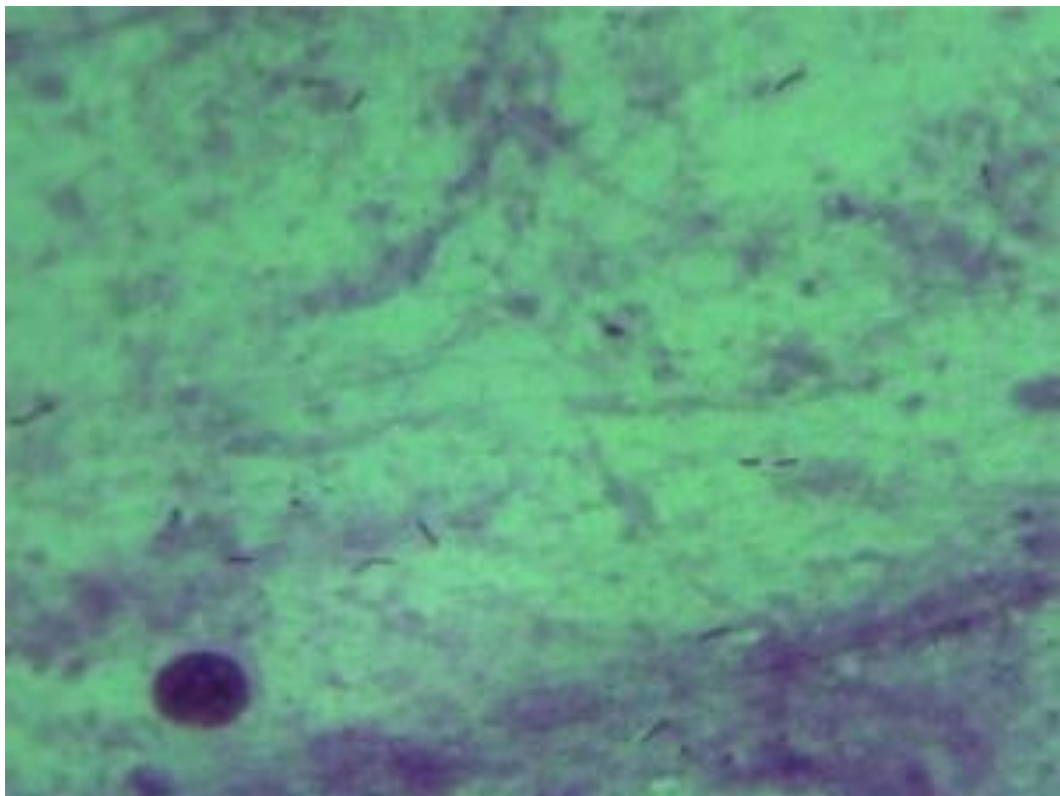
Data sintetis ditunjukkan oleh gambar 3.1 dan Beberapa data asli yang digunakan pada penelitian ini ditunjukkan pada Gambar 3.2



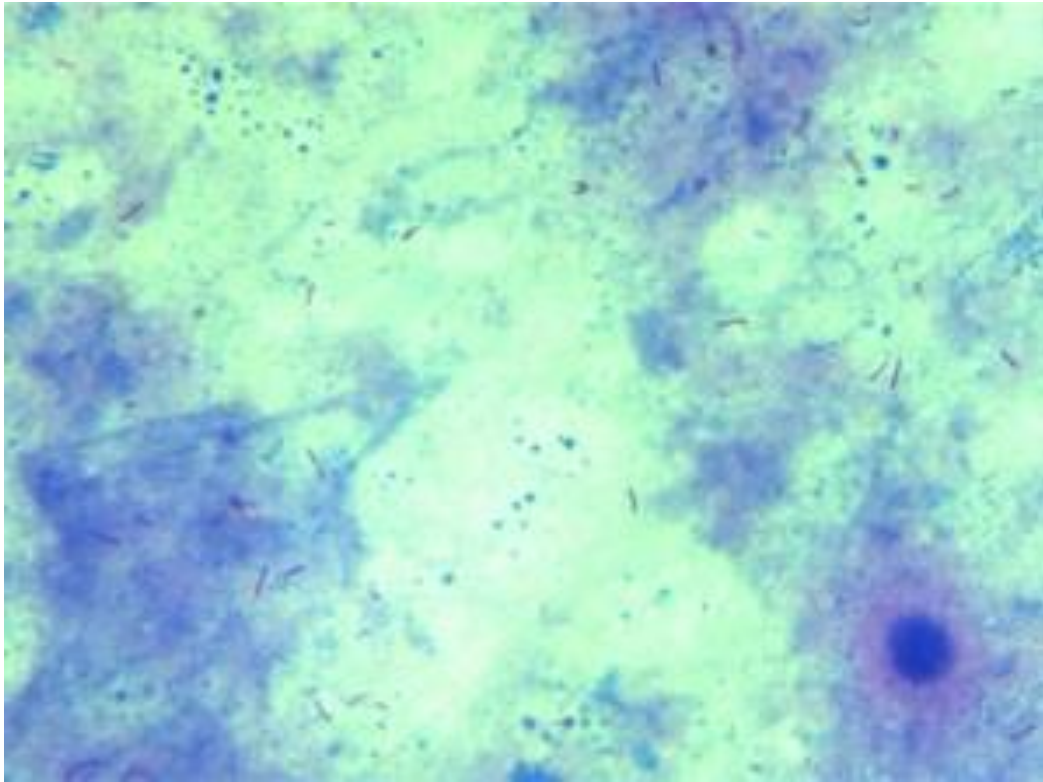
Gambar 3.1 Data Sintetis Bakteri Tuberkulosis



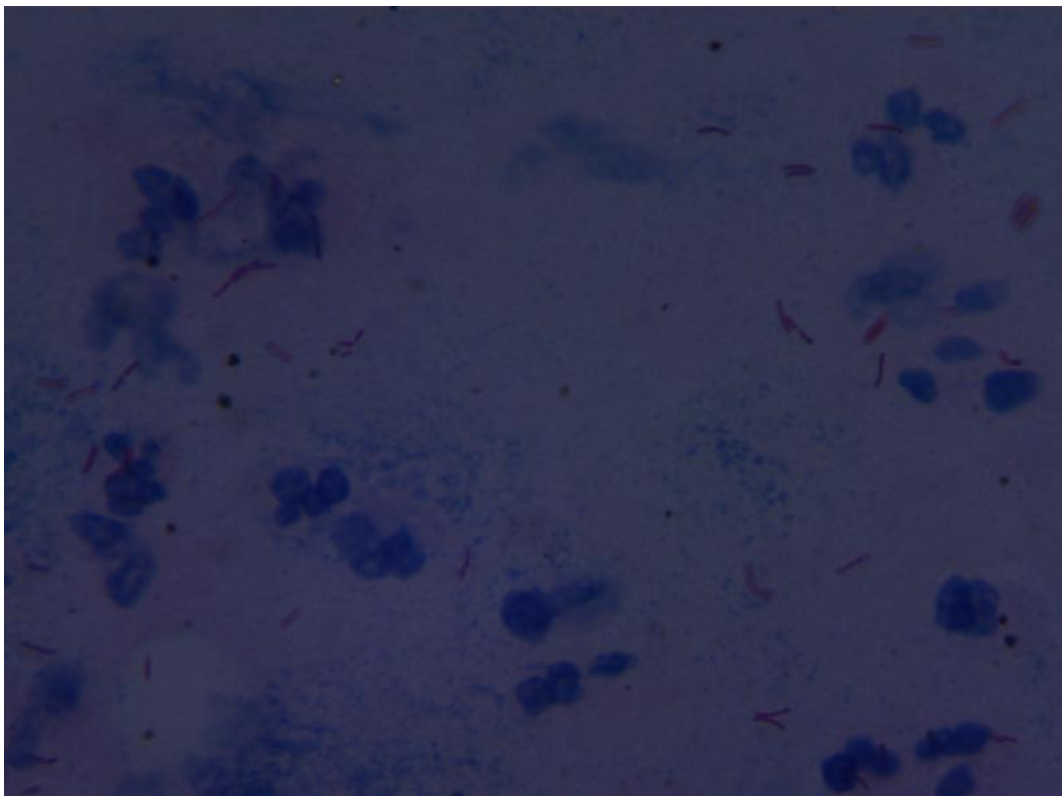
(a)



(b)



(c)

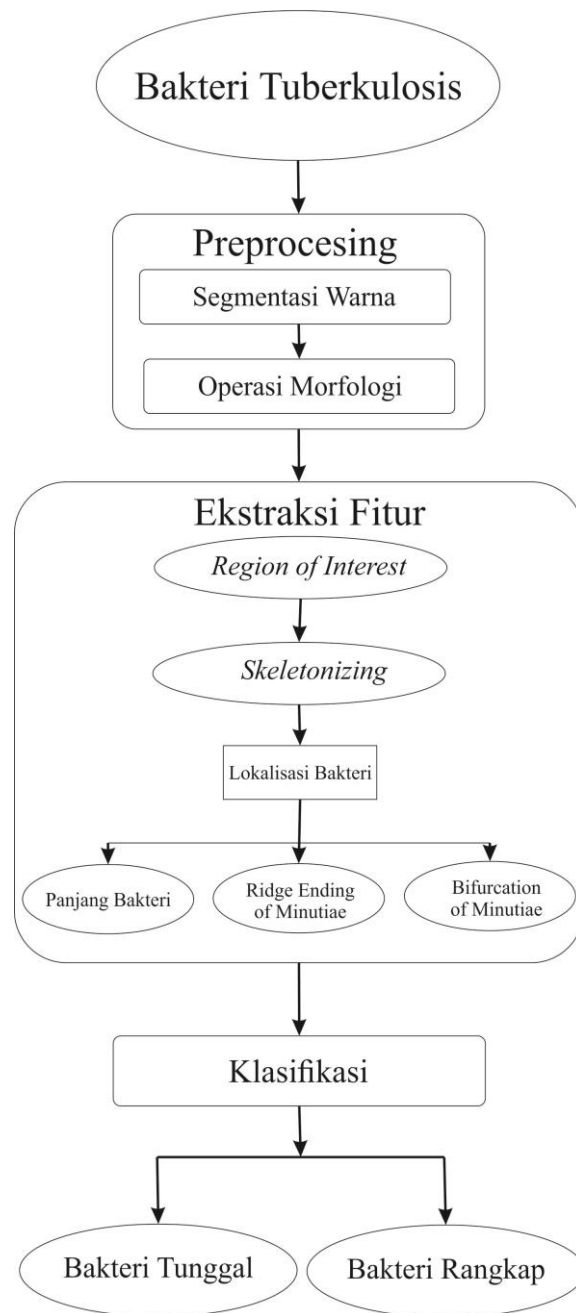


(d)

Gambar 3.2 (a) Preparat dengan Bakground Kuning (b) Hijau (c) Biru (d) Ungu

### 3.2 Desain Metode Penelitian

Metode yang digunakan pada penelitian ini ditunjukkan pada Gambar 3.3.



Gambar 3.3 Blok Diagram Sistem

Tahapan yang dilakukan pada penelitian ini adalah :

1. Mengelompokkan citra yang diperoleh berdasarkan warna *background* preparat menjadi 4 kelompok antara lain hijau, biru, kuning dan ungu.

2. *Preprocessing* citra diawali dengan segmentasi warna melalui konversi citra RGB ke model warna HSV lalu melakukan operasi morfologi yang terdiri dari *opening* dan *closing*.
3. Ekstraksi fitur merupakan langkah selanjutnya yang dilakukan. Diawali dengan proses pemisahan bakteri pada citra menggunakan ROI sehingga didapatkan citra bakteri. Kemudian citra bakteri yang didapatkan di skeleton untuk memperjelas bentuk bakteri. Fitur yang diambil dari citra bakteri yang sudah terpotong adalah *endpoint* bakteri, percabangan bakteri dan panjang bakteri. Terlebih dahulu dilakukan lokalisasi bakteri untuk memisahkan antara bakteri dan bukan bakteri yang terdeteksi ROI.
4. Klasifikasi adalah proses terakhir dengan mengelompokkan mana yang termasuk bakteri tunggal atau bakteri rangkap. Proses klasifikasi sel menggunakan backpropagation.

### **3.3 *Preprocessing***

Terdapat dua tahapan dalam *preprocessing* citra bakteri tuberkulosis diantaranya segmentasi warna yang nantinya merubah gambar dari ruang warna RGB ke ruang warna HSV. Kemudian dilakukan operasi morfologi untuk memperjelas citra bakteri tuberkulosis.

Langkah kedua pada *preprocessing* bakteri berguna untuk memperbaiki morfologi dari bakteri dengan proses *opening* lalu proses *closing*. *Opening* terdiri dari erosi dan dilasi yang dilakukan berurutan, sementara *closing* terdiri dari dilasi dan erosi yang dilakukan secara berurutan.

#### **3.3.1 Segmentasi Warna**

Citra preparat bakteri tuberkulosis berada dalam ruang warna RGB yang kemudian dikonversi menjadi ruang warna HSV. Nilai HSV yang diterapkan pada gambar dapat disesuaikan untuk setiap kelompok warna, hal ini bertujuan agar gambar bakteri tuberkulosis dapat terdeteksi pada proses selanjutnya. Bakteri tuberkulosis yang sudah diberi pewarnaan terlihat berwarna merah pada citra preparat. HSV berguna untuk mengkonversi kanal warna sehingga warna merah bakteri terpisah dari background preparat.

Proses konversi warna dari ruang warna RGB ke ruang warna HSV menggunakan persamaan 2.1, 2.2 dan 2.3.

### 3.3.2 Operasi Morfologi

Operasi morfologi yang diterapkan pada citra bakteri tuberkulosis yang sudah di konversi menjadi ruang warna HSV adalah *opening* dan *closing*. Proses *opening* terdiri dari erosi dan dilasi yang dijalankan berurutan, sementara *closing* terdiri dari dilasi lalu erosi. Operasi *opening* dan *closing* masing-masing dilakukan sebanyak satu kali. Persamaan dari *opening* dan *closing* ditunjukkan pada persamaan 2.4 dan 2.5

### 3.4 Ekstraksi Fitur

Ekstraksi fitur adalah tahapan yang berfungsi untuk mendapatkan ciri atau fitur dari sebuah citra. Fitur dapat diperoleh dari luasan (area), bentuk, dan tekstur. Pada penelitian ini ekstraksi fitur yang digunakan menggunakan ekstraksi fitur berdasarkan bentuk.

Ekstraksi fitur ini untuk mendapat fitur atau ciri khas dari bakteri tuberkulosis didapatkan dari citra preparat bakteri tuberkulosis. Terdapat tiga fitur yang akan dicari dari masing-masing bakteri, yaitu panjang, percabangan dan jumlah *endpoint* pada bakteri. Ketiga fitur ini yang menentukan apakah bakteri masuk dalam klasifikasi bakteri tunggal, atau masuk dalam klasifikasi bakteri rangkap.

Hal pertama yang dilakukan untuk mendapat fitur dari bakteri tuberkulosis adalah dengan memisahkan mana yang termasuk bakteri tuberkulosis dan mana yang termasuk *background* (latar) menggunakan ROI berbentuk bujur sangkar. Setelah bakteri terdeteksi melalui proses *cropping* otomatis dari ROI kemudian dilakukan proses *skeletonizing*. Dari gambar bakteri tuberkulosis yang sudah di skeleton itulah diperoleh fitur bakteri tuberkulosis berupa *endpoint*, percabangan dan panjang bakteri yang digunakan untuk klasifikasi bakteri tuberkulosis.

#### **3.4.1 Region of Interest**

Proses pertama yang dilakukan adalah memisahkan mana yang termasuk bakteri tuberkulosis dan mana yang bukan bakteri dengan menerapkan proses *Region of Interest* (ROI). Bakteri tuberkulosis yang terdapat pada citra preparat, akan secara otomatis di potong (*crop*) dengan batas ujung masing-masing bakteri untuk memudahkan proses selanjutnya yaitu proses ekstraksi fitur bakteri berupa end point, cabang dan panjang bakteri. ROI mendeteksi piksel yang bernilai 1 pada gambar biner bakteri sehingga diketahui mana yang termasuk bakteri dan mana yang bukan bakteri.

#### **3.4.2 Skeleton**

Proses selanjutnya untuk memperoleh fitur dari bakteri tuberkulosis adalah proses *skeletonizing*. *Skeletonizing* adalah pengurangan bagian yang tidak digunakan untuk proses selanjutnya. *Skeletonizing* adalah proses “pengurusan” yang berfungsi untuk menghasilkan citra bakteri tuberkulosis selebar satu piksel saja. Hal ini berguna untuk mendapatkan *endpoint*, percabangan dan panjang bakteri tuberkulosis.

#### **3.4.3 Lokalisasi Bakteri**

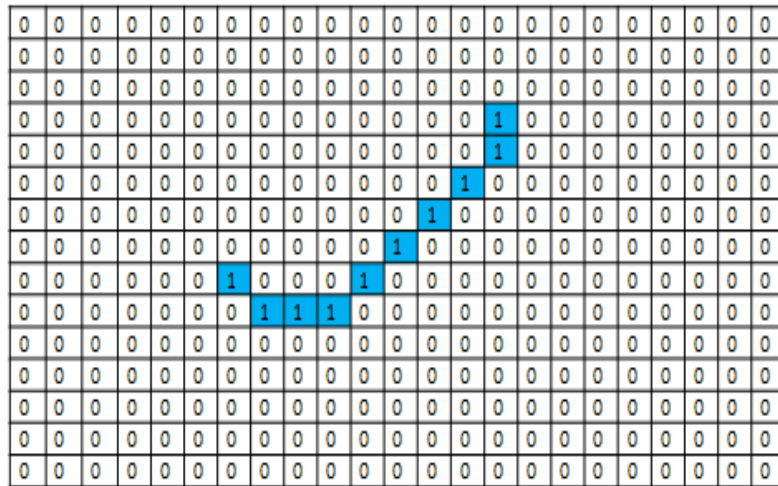
Setelah proses skeleton dari citra biner hasil ROI, terdapat beberapa nonbakteri yang terbaca sebagai bakteri tuberkulosis, lokalisasi berguna untuk memisahkan mana yang termasuk bakteri dan bukan bakteri. Lokalisasi ini dilakukan dengan menetapkan batas *endpoint* dan panjang dan luasan daerah ROI. Potongan ROI yang memiliki *endpoint* kurang dari 2 dan panjang lebih pendek dari 3 piksel, dan luas lebih kecil dari 750 piksel, maka bagian tersebut bukan termasuk bakteri tuberkulosis.

#### **3.4.4 Panjang Bakteri Tuberkulosis**

Fitur pertama yang dicari dari masing-masing bakteri adalah panjang bakteri. Bakteri tuberkulosis memiliki panjang yang sama pada setiap penderita, dikarenakan bakteri tuberkulosis tumbuh secara bersamaan. Panjang bakteri berbeda menunjukkan bahwa bakteri tersebut bisa jadi termasuk dalam klasifikasi bakteri rangkap.



Panjang bakteri diperoleh dengan menghitung jumlah piksel yang terangkai menjadi sebuah bakteri. Ilustrasi penghitungan panjang bakteri dapat dilihat pada Gambar 3.4.



Gambar 3.4 Panjang Bakteri Tuberkulosis adalah Jumlah Piksel Bernilai 1

### 3.4.5 Minutiae

Fitur kedua dan ketiga yang dicari dari masing-masing bakteri adalah *endpoint* dan percabangan dari bakteri yang menggunakan prinsip *Ridge Ending* dan *Bifurcation* pada *minutiae*. Setelah dilakukan *skeleton* dan dihitung panjang bakteri, fitur selanjutnya yang dicari adalah jumlah *endpoint* atau titik akhir dari bakteri, karena jumlah *endpoint* menunjukkan jumlah bakteri yang terlihat menumpuk. Bakteri tunggal menunjukkan hanya memiliki 2 *endpoint*, sementara bakteri rangkap memiliki 3 atau lebih *endpoint*

Fitur ketiga selanjutnya adalah percabangan bakteri yang menerapkan prinsip dari *Bifurcation* pada *minutiae*. Jika ditemukan percabangan pada bakteri maka bakteri tersebut memiliki jumlah lebih dari satu atau dengan kata lain dapat diklasifikasikan sebagai bakteri rangkap.

### 3.5 Klasifikasi Bakteri

Proses klasifikasi bertujuan untuk mengenali bakteri lalu diklasifikasikan menjadi bakteri tunggal atau bakteri rangkap. Fitur yang sudah diekstraksi dari



sebuah bakteri yang terdiri dari panjang, end point bakteri dan percabangan dari bakteri, menjadi input untuk proses klasifikasi.

Proses dari klasifikasi bakteri terbagi menjadi dua yaitu proses pelatihan (*training*) dan pengujian (*testing*). Pada proses *training* digunakan 341 data citra bakteri yang terdiri dari 281 bakteri tunggal dan 60 bakteri rangkap. Sedangkan pada proses *testing* digunakan 228 data citra bakteri tuberkulosis yang terdiri dari 188 bakteri tunggal dan 40 bakteri rangkap.

Proses klasifikasi bakteri tuberkulosis dijalankan dengan bantuan metode *K-Nearest Neighbor* dan *Backpropagation*. Hasil perbandingan akurasi dari kedua metode tersebut dijadikan sebagai perbandingan keakuratan dari metode yang digunakan pada klasifikasi bakteri tuberkulosis

### 3.5.1 K-NN

*K-Nearest Neighbor* atau K-NN merupakan sebuah metode klasifikasi yang algoritmanya mudah sekali untuk dipahami. K-NN melakukan klasifikasi terhadap objek berdasarkan data pembelajaran dengan menghitung jarak diantara kedua data dan mencari data yang jaraknya paling dekat dengan objek tersebut. Pada penelitian ini digunakan 569 data bakteri tuberkulosis yang dibagi menjadi 341 data training dan 228 data testing.

Dekat atau jauhnya tetangga dihitung dengan formula *Euclidean Distance*. Kedekatan berbanding terbalik dengan jarak. Semakin kecil jarak antara dua data menunjukkan semakin besar kedekatan antara kedua data tersebut. *Euclidean Distance* dihitung menggunakan persamaan 3.4. Langkah-langkah yang dilakukan pada klasifikasi *K-Nearest Neighbor* antara lain :

1. menentukan jumlah k, k adalah jumlah dari tetangga terdekat.
2. menghitung jarak antara data training dan data testing menggunakan formula *Euclidean distance*.

$$d(x_i, x_j) = \sqrt{\sum_{r=1}^n (x_{ir} - x_{jr})^2} \quad (3.4)$$

Keterangan :  $x_i$  = Data Sampel  
 $x_j$  = Data Uji  
 $r$  = Variabel Data  
 $d$  = Jarak Euclidean

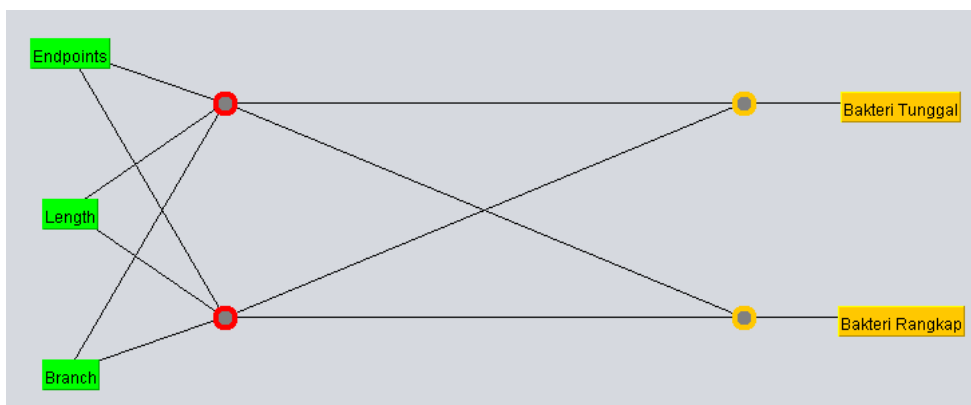
$n = \text{Dimensi data}$

3. mengurutkan jarak dan menentukan tetangga terdekat berdasarkan jarak dari k.
4. cek klasifikasi dari masing-masing tetangga terdekat.
5. klasifikasi data testing sesuai dengan mayoritas kelas tetangga terdekat.

### 3.5.2 Backpropagation

*Backpropagation* yang juga dikenal dengan nama *Multi Layer Perceptron* (MLP) merupakan salah satu model jaringan syaraf tiruan dengan algoritma *supervised learning* (pembelajaran yang terawasi). *Backpropagation* disebut dengan *multi layer perceptron* karena terdapat banyak *hidden layer* yang digunakan untuk memperbarui nilai bobot. Inti dari metode *backpropagation* antara lain: (1) memasukkan data ke *input layer*, (2) menghitung dan propagasi balik dari *error* yang bersangkutan, (3) *adjustment* (pembaruan) bobot dan bias.

Penelitian ini menggunakan tiga layer *backpropagation* yang terdiri dari *input layer* (layer masukan), *hidden layer* (layer yang tersembunyi), dan *output layer* (layer keluaran). Struktur jaringan syaraf tiruan yang digunakan pada penelitian ini ditunjukkan oleh gambar 3.5.



Gambar 3.5 Struktur Jaringan Syaraf Tiruan

Fitur bakteri tuberkulosis yang digunakan adalah panjang, jumlah *endpoint* dan jumlah percabangan dari bakteri. Fitur-fitur inilah yang digunakan sebagai *input layer*. Kemudian diklasifikasikan menjadi dua kelas antara lain bakteri tuberkulosis tunggal dan tuberkulosis rangkap.

Langkah-langkah yang dilakukan pada klasifikasi bakteri tuberkulosis dengan menggunakan metode *backpropagation* yaitu :

1. Menginisiasi bobot dengan bilangan kecil secara acak.
2. *Neuron input* menerima sinyal lalu meneruskan ke *hidden layer*.
3. Setiap *hidden unit* menghitung sinyal input yang sudah berbobot termasuk biasnya

$$z_{in_j} = v_{0_j} + \sum_{i=1}^n x_i v_{ij} \quad (3.2)$$

4. Memakai fungsi aktivasi untuk menghitung sinyal *output* dari *hidden unit* yang bersangkutan lalu mengirim sinyal ini ke seluruh unit output

$$z_j = f(z_{in_j}) = \frac{1}{1 + e^{-z_{in_j}}} \quad (3.3)$$

5. Setiap unit output menghitung sinyal input dari *hidden layer* yang sudah berbobot termasuk biasnya.

$$y_{in_k} = w_{0_k} + \sum_{j=1}^p z_j w_{jk} \quad (3.4)$$

6. Memakai fungsi aktivasi untuk menghitung sinyal output dari unit output yang bersangkutan

$$y_k = f(y_{in_k}) = \frac{1}{1 + e^{-y_{in_k}}} \quad (3.5)$$

7. Menghitung faktor  $\delta$  antara target dan output yang dihasilkan jaringan  
Dimana  $\delta_k$  adalah *error* yang dipakai dalam perubahan bobot pada *output layer* ke *hidden layer*

$$\delta_k = (t_k - y_k) f'(y_{in_k}) \quad (3.6)$$

8. *Hidden unit* menghitung input delta yang sudah berbobot

$$\delta_{in_j} = \sum_{k=1}^m \delta_k w_{jk} \quad (3.7)$$

9. Menghitung perubahan bobot dengan laju pembelajaran  $\alpha$

$$\Delta v_{ij} = \alpha \delta_j x_j \quad (3.8)$$

10. Menghitung perubahan bobot dan bias dari *hidden unit* ke *output layer*

$$w_{jk}(\text{baru}) = w_{jk}(\text{lama}) + \Delta w_{jk} \quad (3.9)$$

11. Menghitung perubahan bobot dan bias dari *unit input* ke *hidden layer*

$$v_{ij}(\text{baru}) = v_{ij}(\text{lama}) + \Delta v_{ij} \quad (3.10)$$

### 3.6 Perhitungan Akurasi Metode

Teknik ROC (*Receiver Operating Characteristic*) merupakan teknik untuk menghitung performance dari metode klasifikasi K-NN (*K-Nearest Neighbor*) dan *Backpropagation* dalam mengelompokkan bakteri tunggal dan bakteri rangkap. Teknik ROC memiliki empat nilai karakteristik, diantaranya adalah *True Positive* (TP), *False Positive* (FP), *False Negative* (FN), dan *True Negative* (TN) seperti pada tabel 3.1

Tabel 3.1. *Confusion Matrix*

		Target	
		Bakteri Tunggal	Bakteri Rangkap
Hasil Identifikasi	Bakteri Tunggal	TP ( <i>True Positive</i> )	FP ( <i>False Positive</i> )
	Bakteri Rangkap	FN ( <i>False Negative</i> )	TN ( <i>True Negative</i> )

TP menunjukkan bahwa citra bakteri teridentifikasi dengan tepat sesuai kelasnya (*positive*). Sedangkan FP menunjukkan bahwa bakteri tidak teridentifikasi dengan tepat pada kelasnya melainkan anggota kelas lainnya (*negative*). TN menunjukkan bahwa bakteri yang bukan anggota kelasnya teridentifikasi dengan tepat pada kelompok yang bukan kelasnya (*Negative*) sedangkan FN menunjukkan bahwa citra bakteri yang bukan anggota kelasnya teridentifikasi sebagai anggota kelasnya (*positive*).

Dari keempat nilai tersebut didapatkan perhitungan matematis untuk *True Positive Rate* (TPR) dengan artian citra bakteri teridentifikasi dengan benar sesuai

kelasnya yang ditampilkan pada persamaan 2.9. TPR berguna untuk menghitung sensivity sebuah metode dalam mengklasifikasi sebuah kelas

Sedangkan nilai yang menunjukkan bakteri tidak teridentifikasi dengan benar sesuai kelasnya disebut dengan *False Positive Rate* (FPR), dimana persamaan matematisnya ditampilkan pada persamaan 2.10. FPR digunakan untuk menghitung *specificity* dari sebuah metode dalam mengklasifikasi salah satu kelas. Dari dua persamaan ini didapatkan perhitungan matematis untuk nilai akurasi dalam proses klasifikasi citra bakteri yang ditampilkan pada persamaan 2.11. Akurasi menunjukkan seberapa besar keberhasilan metode untuk mengklasifikasikan kelas.

*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## BAB 4

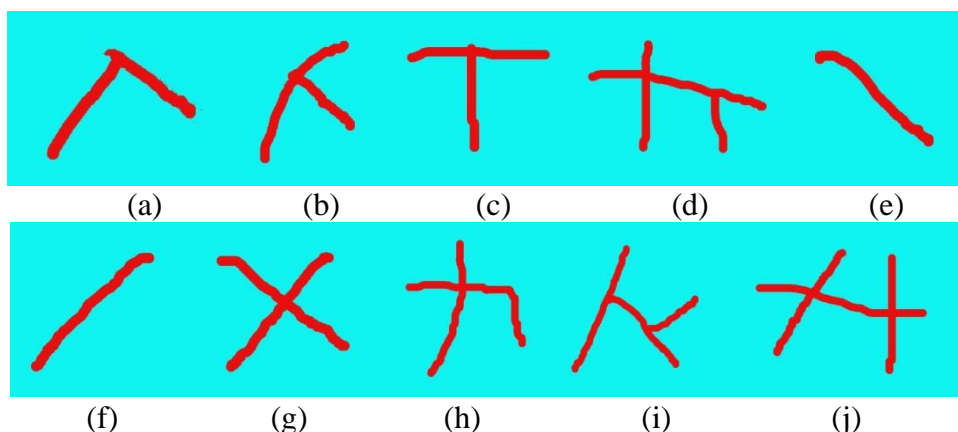
### HASIL DAN PEMBAHASAN

Bab ini menjelaskan proses dan hasil klasifikasi bakteri tuberkulosis berdasarkan bentuk bakteri tuberkulosis antara lain panjang, end point, dan percabangan pada bakteri tuberkulosis yang selanjutnya diklasifikasi menggunakan *K-Nearest Neighbor* dan *Backpropagation*. Kedua metode tersebut dibandingkan untuk memperoleh metode klasifikasi yang paling efektif untuk proses klasifikasi bakteri tuberkulosis.

#### 4.1 Data Penelitian

Citra masukan yang digunakan pada penelitian ini adalah data sintesis dan data asli. Data sintesis adalah data yang dibuat serupa dengan citra digital preparat dan data asli adalah citra preparat digital yang sebelumnya sudah diberi sampel dahak pasien penderita tuberkulosis lalu diberi pewarnaan dengan teknik *Ziehl Neelsen*. Data asli diperoleh dari Politeknik Kesehatan (Poltekes) Surabaya.

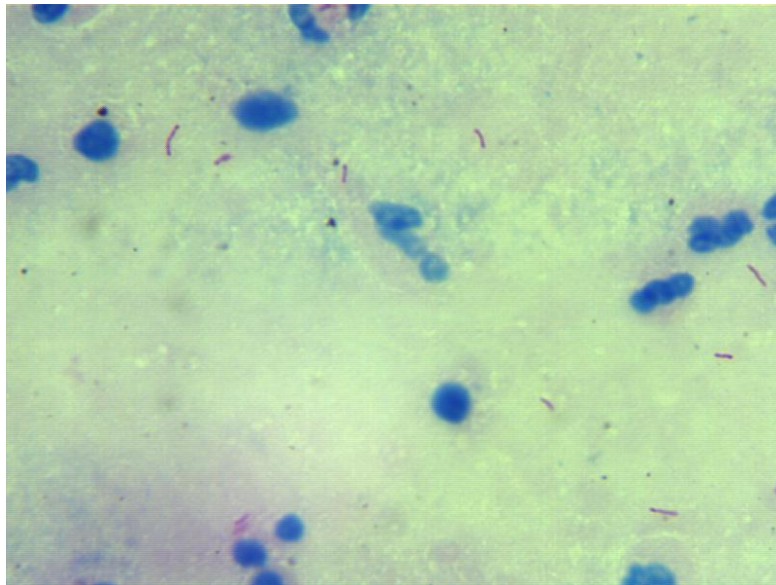
Data sintesis terdiri dari 10 gambar yang dibuat serupa dengan bakteri tuberkulosis yang terdiri dari 2 bakteri tuberkulosis tunggal dan 8 bakteri rangkap. Bakteri tuberkulosis dibuat berwarna merah dengan background berwarna biru. Data sintesis dapat dilihat pada Gambar 4.1



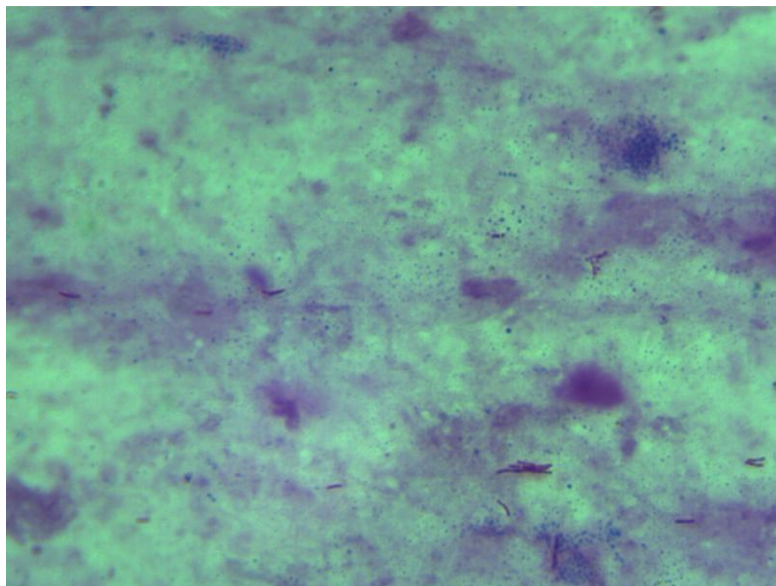
Gambar 4.1 Data Sintesis Bakteri Tuberkulosis (a) Bakteri 1 (b) Bakteri 2 (c) Bakteri 3 (d) Bakteri 4 (e) Bakteri 5 (f) Bakteri 6 (g) Bakteri 7 (h) Bakteri 8 (i) Bakteri 9 (j) Bakteri 10

Data asli adalah citra preparat digital yang berukuran 800x600 piksel. Citra preparat yang digunakan memiliki warna *background* yang berbeda yaitu kuning, ungu, hijau, dan gelap. Perbedaan warna pada preparat ini dikarenakan oleh proses dan teknik pewarnaan preparat dengan menggunakan metode *Ziehl Neelsen*. Citra digital preparat yang digunakan sebanyak 10 gambar dari masing-masing kelompok dengan jumlah total sebanyak 40 citra digital preparat, yang terdiri dari 149 data bakteri tuberkulosis pada kelompok preparat kuning, 60 data pada kelompok hijau, 241 data pada kelompok biru, 119 data pada kelompok gelap. Contoh data asli dari masing-masing kelompok dapat dilihat pada Gambar 4.2

(a)

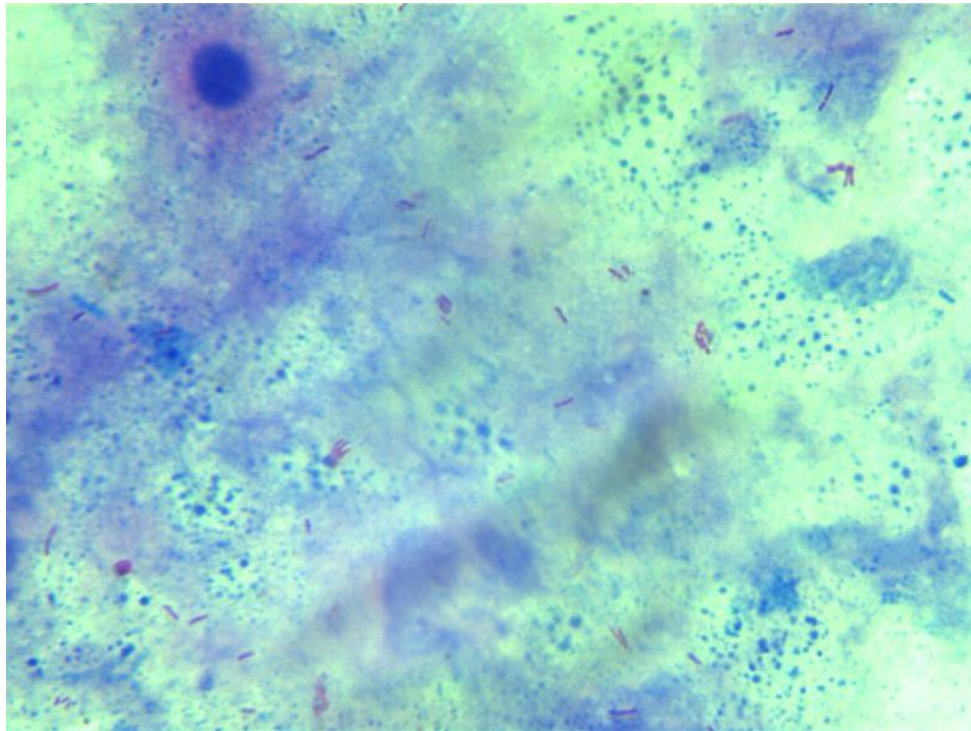


(b)

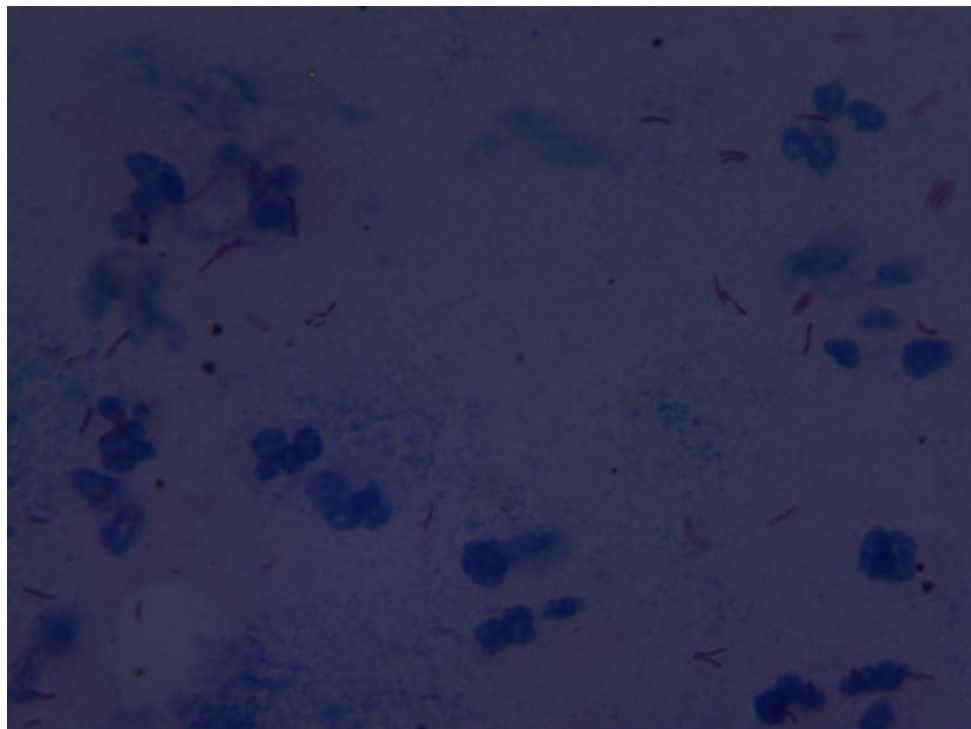




(c)



(d)



Gambar 4.2 Data Asli Citra Digital Mikroskop (a) Kelompok Preparat Kuning (b) Kelompok Preparat Hijau (c) Kelompok Preparat Biru (d) Kelompok Preparat Gelap


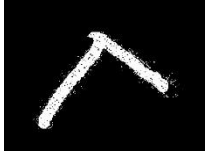

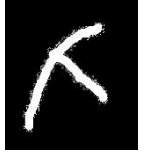

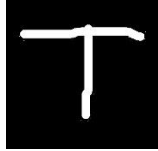


## 4.2 Data Sintetis

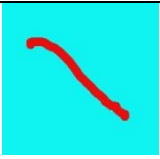
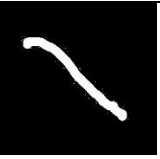

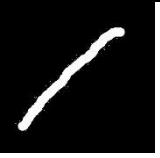

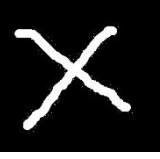

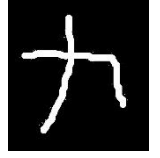


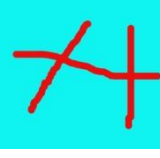

Subbab 4.2 menjelaskan hasil dan pembahasan dari data sintetis yang dibuat menyerupain citra bakteri pada preparat. Pada data sintetis bakteri tuberkulosis dibuat berwarna merah seperti pada bakteri tuberkulosis pada sampel dahak dan background bakteri berwarna biru kehijauan seperti background pada preparat hasil dari proses pewarnaan. Data sintetis terdiri dari 10 gambar yang terdiri dari 8 gambar bakteri rangkap dan 2 gambar bakteri tunggal.

### 4.2.1 Preprocessing dan Segmentasi Citra Data Sintetis

Pada proses *preprocessing*, data sintetis berada pada kanal warna RGB kemudian dikonversi ke kanal warna *Hue, Saturation, Value* (HSV). Konversi ini bertujuan untuk memisahkan antara bakteri tuberkulosis dan background dari data sintetis. Area yang dipisahkan dari *background* adalah area yang berwarna merah yang merupakan bakteri tuberkulosis. Tabel 4.1 menunjukkan hasil konversi data sintetis dari ruang warna RGB ke ruang warna HSV. Tabel 4.1 menunjukkan bahwa konversi dari kanal warna RGB ke HSV berhasil dilakukan pada data sintetis.

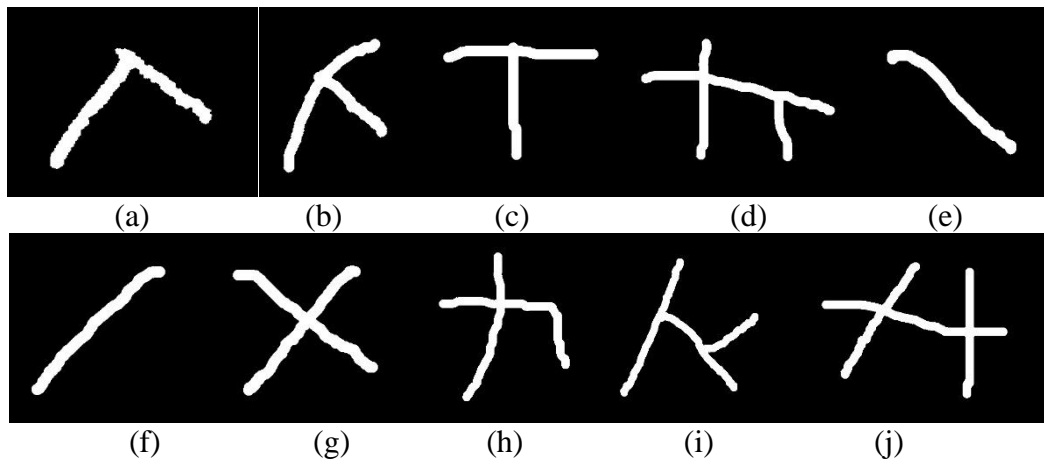
Tabel 4.1 Konversi data sintetis dari ruang warna RGB ke ruang warna HSV

No. Bakteri	Ruang Warna RGB	Ruang Warna HSV
1		
2		
3		
4		

No. Bakteri	Ruang Warna RGB	Ruang Warna HSV
5		
6		
7		
8		
9		
10		

#### 4.2.2 Operasi Morfologi pada Data Sintetis

Operasi morfologi yang diterapkan pada data sintetis yang sudah di konversi menjadi ruang warna HSV adalah *opening* dan *closing*. Proses *opening* terdiri dari erosi dan dilasi yang dijalankan berurutan, sementara *closing* terdiri dari dilasi lalu erosi. Operasi *opening* dan *closing* masing-masing dilakukan sebanyak satu kali. Gambar 4.3 menunjukkan citra sintetis bakteri tuberkulosis yang sudah dilakukan operasi morfologi *opening* dan *closing*. Maka dapat disimpulkan bahwa Operasi morfologi dapat diterapkan pada data sintetis.

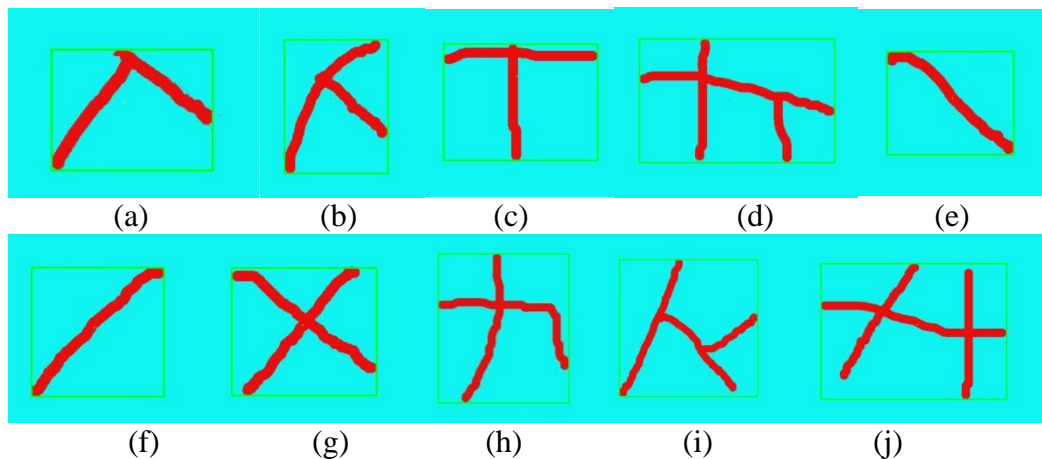


Gambar 4.3 Hasil *Opening* Dan *Closing* pada Data Sintetis.

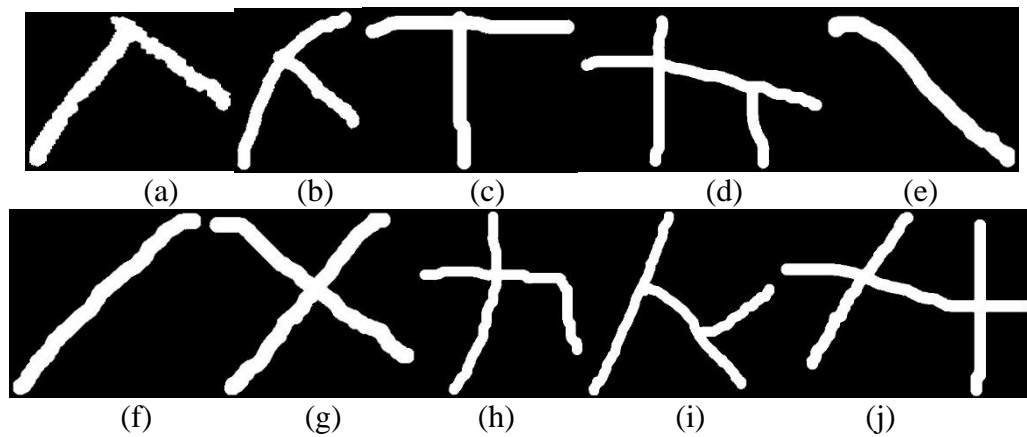
#### 4.2.3 Region of Interest pada Data Sintetis

*Region of interest* (ROI) pada data sintetis digunakan untuk memisahkan antara bakteri tuberkulosis dan background gambar. ROI mendeteksi piksel yang bernilai 1 pada gambar biner bakteri sehingga diketahui mana yang termasuk bakteri dan mana yang bukan bakteri.

ROI menandai gambar bakteri tepat dengan ukuran bakteri. ROI menjadikan ujung bakteri sebagai batas dari ROI. Setelah ditetapkan batas daerah ROI, gambar bakteri dipotong secara otomatis. Daerah yang merupakan ROI merupakan wilayah yang dibatasi dengan bujur sangkar berwarna hijau. Penandaan ROI pada bakteri dapat dilihat pada gambar asli data sintetis. Daerah ROI pada data sintetis dapat dilihat pada Gambar 4.4 dan Hasil ROI dan *cropping* otomatis pada data sintetis dapat dilihat pada gambar 4.5.



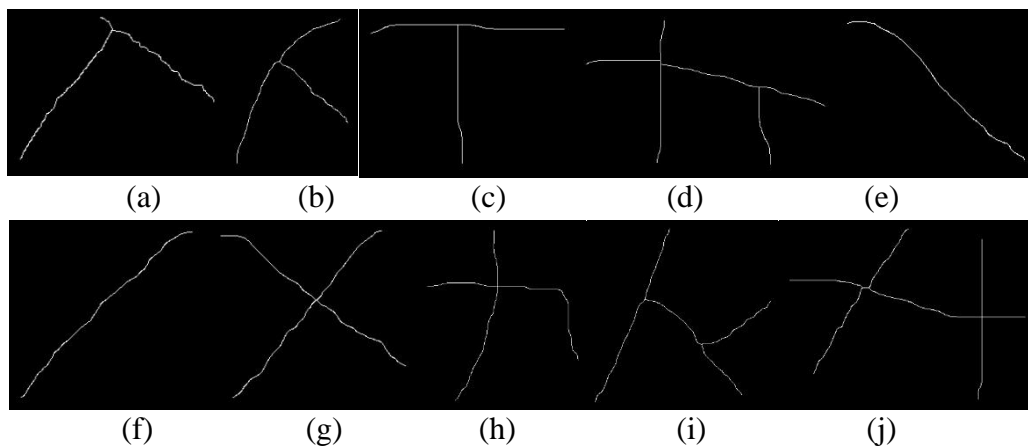
Gambar 4.4 Wilayah yang merupakan ROI pada Data Sintetis



Gambar 4.5 ROI pada Data Sintetis

#### 4.2.4 *Skeletonizing* pada Data Sintetis

*Skeletonizing* diterapkan pada data sintetis setelah proses ROI. *Skeletonizing* berfungsi untuk menghasilkan citra bakteri tuberkulosis selebar satu piksel saja. Hal ini berguna untuk mendapatkan *endpoint*, percabangan dan panjang bakteri tuberkulosis. *Skeletonizing* pada data sintetis dapat dilihat pada Gambar 4.6



Gambar 4.6 Hasil Skeleton pada Data Sintetis

#### 4.2.5 Panjang Bakteri pada Data Sintetis

Fitur pertama dari bakteri tuberkulosis adalah panjang bakteri. Panjang bakteri tuberkulosis diperoleh dari penghitungan piksel bernilai 1 pada data sintetis yang sudah melalui proses *skeletonizing*. Hasil dari penghitungan piksel pada data sintetis adalah :

Bakteri 1 = 369	Bakteri 6 = 277
Bakteri 2 = 445	Bakteri 7 = 537
Bakteri 3 = 457	Bakteri 8 = 719
Bakteri 4 = 741	Bakteri 9 = 777
Bakteri 5 = 236	Bakteri 10 = 947


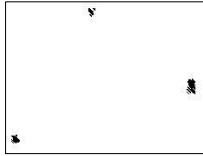

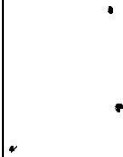
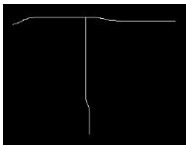
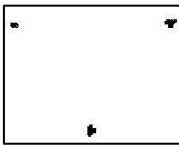
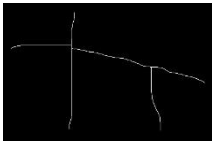
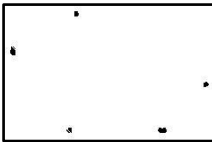
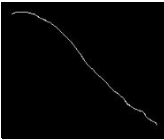


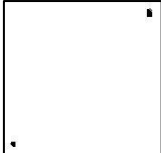

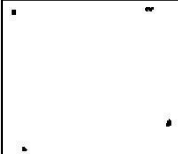

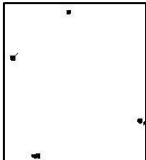
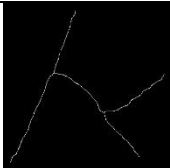
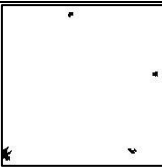


#### 4.2.6 Minutiae pada Data Sintetis

*Endpoint* dan percabangan bakteri adalah fitur berikutnya yang didapat dari data sintetis. *Endpoint* dan percabangan dari bakteri didapat dengan menggunakan prinsip *Ridge Ending* dan *Bifurcation* pada *minutiae*. *Ridge ending* merupakan akhir dari sebuah guratan dan *bifurcation* adalah percabangan dari sebuah guratan. *Ridge ending* diterapkan untuk mendapat *endpoint* dari data sintetis bakteri tuberkulosis sementara *bifurcation* diterapkan untuk mendapat percabangan dari data sintetis bakteri tuberkulosis.


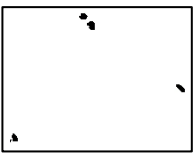

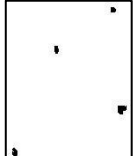
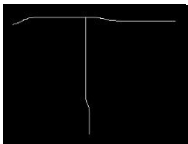
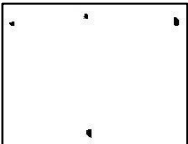

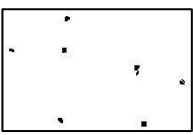
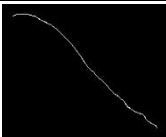




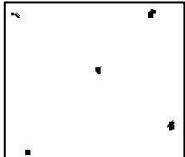

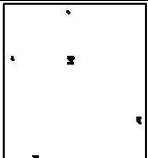

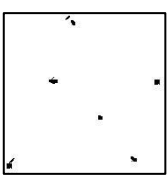
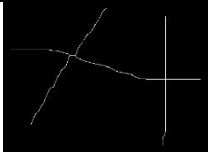
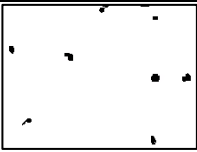
Jumlah *endpoint* menunjukkan karakteristik dari jumlah bakteri tuberkulosis. Bakteri tunggal menunjukkan hanya memiliki 2 *endpoint*, sementara bakteri rangkap memiliki 3 atau lebih *endpoint*. Fitur ketiga dari data sintetis adalah percabangan bakteri yang menerapkan prinsip dari *Bifurcation* pada *minutiae*. Bakteri rangkap menunjukkan adanya percabangan, karena bakteri rangkap terdiri dari dua atau lebih bakteri tuberkulosis. Bakteri tunggal tidak memiliki percabangan dikarenakan hanya terdiri dari satu bakteri tuberkulosis. *Endpoint* sintetis dapat dilihat pada Tabel 4.2 dan percabangan data sintetis dapat dilihat pada Tabel 4.3.

Gambar Bakteri nomor 5 dan 6 memiliki 2 *endpoint*. Hal ini menunjukkan bahwa bakteri 5 dan bakteri 6 merupakan bakteri tunggal. Bakteri nomor 1, 2, dan 3 memiliki 3 *endpoint*, hal ini menunjukkan bahwa bakteri 1, 2 dan 3 merupakan bakteri rangkap. Bakteri 7, 8 dan 9 memiliki 4 *endpoint* yang berarti bahwa bakteri 7, 8, 9 adalah bakteri rangkap, bakteri 4 memiliki 5 *endpoint* dan bakteri 10 memiliki 6 *endpoint*, bakteri 4 dan 10 juga merupakan bakteri rangkap. Dapat disimpulkan bahwa bakteri 5 dan 6 sebagai bakteri tunggal memiliki 2 *endpoint* sementara bakteri rangkap dengan nomor 1, 2, 3, 4, 7, 8, 9, 10 memiliki lebih dari 2 *endpoint*.

Tabel 4.2 Jumlah *Endpoint* pada Data Sintetis

No. Bakteri	Gambar Skeleton	<i>Endpoint</i> Bakteri	Jumlah <i>Endpoint</i>
1			3
2			3
3			3
4			5
5			2
6			2
7			4
8			4
9			4
10			6

Tabel 4.3 Jumlah Percabangan Bakteri pada Data Sintetis

No. Bakteri	Gambar Skeleton	Percabangan Bakteri	Jumlah Percabangan
1			1
2			1
3			1
4			2
5			0
6			0
7			1
8			1
9			2
10			2



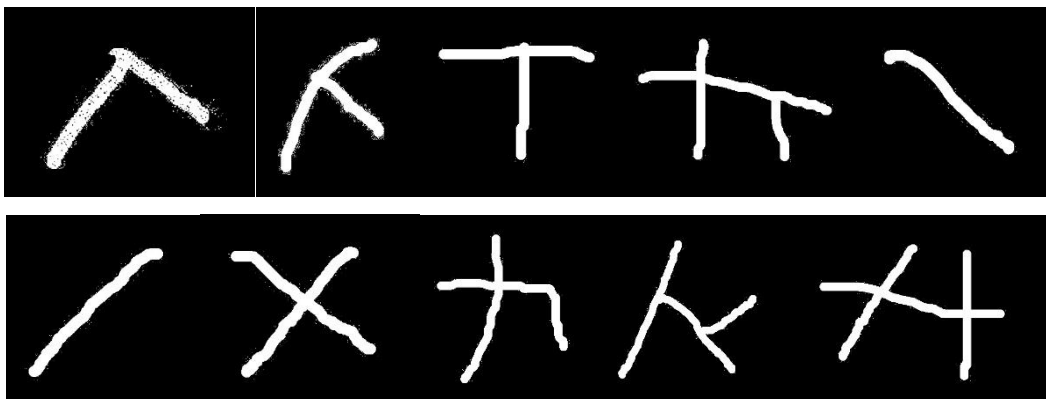
Pada tabel 4.3 gambar bakteri nomor 5 dan 6 tidak menunjukkan adanya percabangan, bakteri nomor 5 dan 6 adalah bakteri tunggal. Bakteri nomor 1, 2, 3, 7 dan 8 menunjukkan adanya 1 percabangan, bakteri 1, 2, 3, 7 dan 8 merupakan bakteri rangkap. Bakteri nomor 4, 9 dan 10 menunjukkan adanya 2 percabangan, bakteri 4, 9 dan 10 juga merupakan bakteri rangkap. Dapat disimpulkan bahwa bakteri tunggal tidak memiliki percabangan sementara bakteri rangkap memiliki satu atau lebih percabangan pada bakteri.

#### 4.2.7 Rangkuman Alur Pengerjaan Data Sintetis

Subbab 4.2.7 menjelaskan rangkuman alur pengerjaan data sintetis agar mudah dipahami.



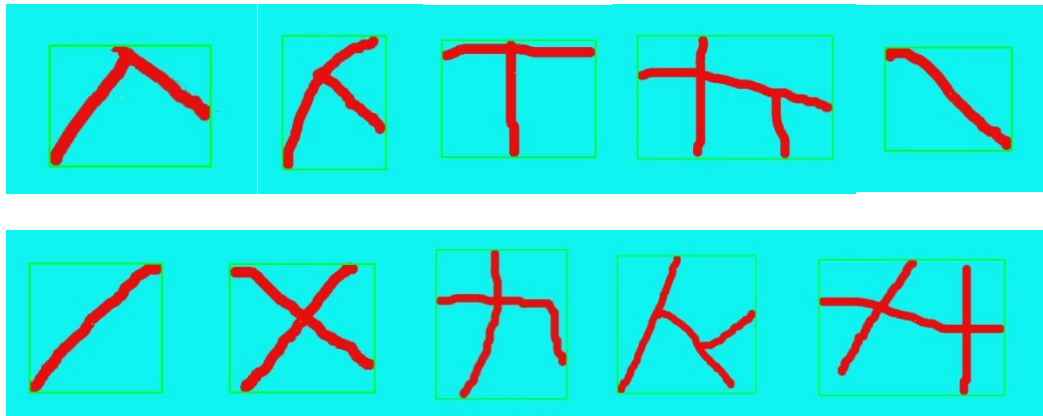
Gambar 4.7 Data Sintetis yang Dibuat Menyerupai Bakteri Tuberkulosis pada Preparat



Gambar 4.8 Langkah 1: Data Sintetis di Konversi dari Kanal Warna RGB ke kanal warna HSV



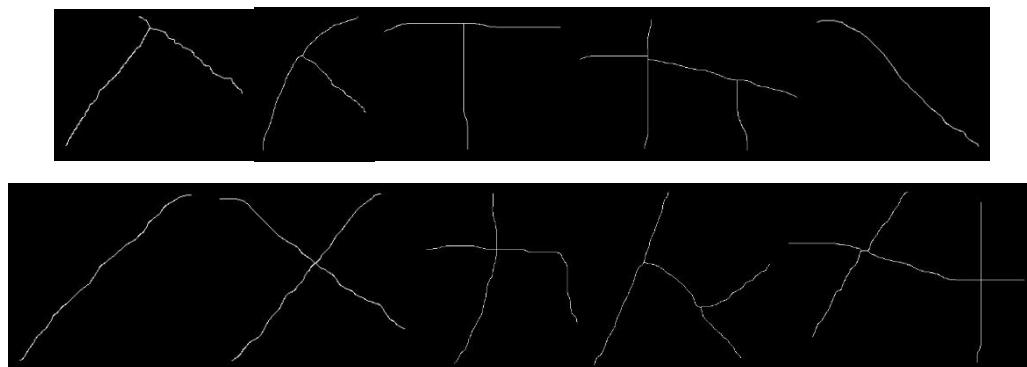
Gambar 4.9 Langkah 2: Dilakukan Operasi Morfologi Berupa *Opening* dan *Closing* pada Data Sintetis yang Berada pada Kanal Warna HSV



Gambar 4.10 Langkah 3: ROI untuk Memisahkan Bakteri Tuberkulosis dengan Background Ditandai dengan Bujur Sangkar Berwarna Hijau



Gambar 4.11 Langkah 4: Pemotongan Gambar Otomatis pada Gambar Biner Sesuai dengan Daerah yang Ditandai Sebagai ROI



Gambar 4.12 Langkah 5: *Skeletonizing* untuk memperoleh bakteri selebar 1 piksel

Langkah 6 adalah proses menghitung panjang bakteri yang sudah di skeleton, hasilnya adalah sebagai berikut:

Bakteri 1 = 369

Bakteri 6 = 277

Bakteri 2 = 445

Bakteri 7 = 537

Bakteri 3 = 457

Bakteri 8 = 719

Bakteri 4 = 741

Bakteri 9 = 777

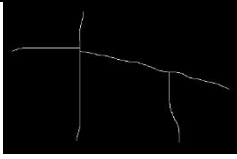
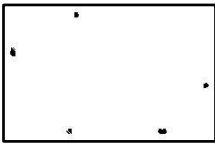
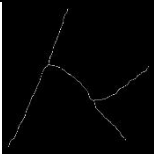
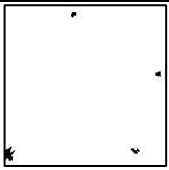


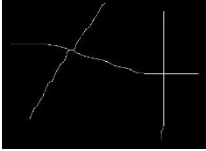
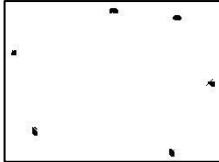
Bakteri 5 = 236

Bakteri 10 = 947

Langkah 7 adalah mendapatkan *endpoint* dari data sintetis. *Endpoint* dari data sintetis dapat dilihat pada Tabel 4.4.


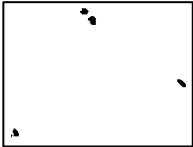

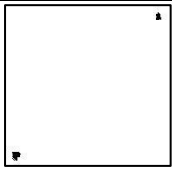

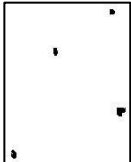

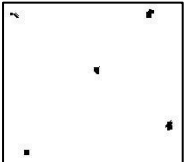
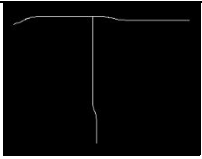
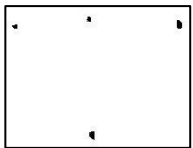

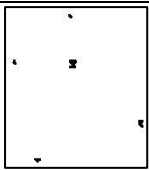
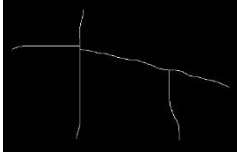
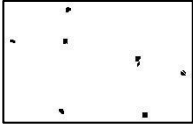

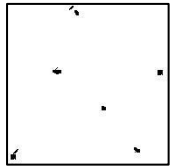

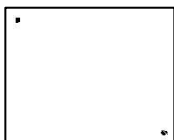
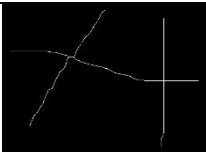
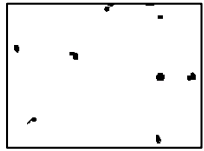
Tabel 4.4 *Endpoint* Bakteri pada Data Sintetis

Skeleton Data Sintesis	<i>Endpoint</i> data sintesis	Skeleton Data Sintesis	Endpont data sintesis

Skeleton Data Sintesis	<i>Endpoint</i> data sintesis	Skeleton Data Sintesis	<i>Endpoint</i> data sintesis
			
			

Langkah 8 adalah mendapatkan percabangan dari data sintetis. Percabangan dari data sintetis dapat dilihat pada Tabel 4.5.

Tabel 4.5 Percabangan dari Data Sintetis

Skeleton Data Sintesis	Percabangan data sintesis	Skeleton Data Sintesis	Percabangan data sintesis
			
			
			
			
			

Berdasarkan rangkuman dari Gambar 4.7 sampai Tabel 4.5 maka dapat disimpulkan bahwa konversi ke kanal HSV, Operasi morfologi, ROI,

*skeletonizing*, mendapatkan dan menghitung panjang data sintetis, mendapatkan dan menghitung jumlah endpoint berdasarkan prinsip *ridge ending* dari *minutiae*, mendapatkan dan menghitung jumlah percabangan berdasarkan *bifurcation* dari *minutiae* dapat diterapkan dan berhasil 100% pada data sintetis.

### 4.3 Data Asli

Subbab 4.3 menjelaskan hasil dan pembahasan dari data asli. Data asli adalah citra digital dari sampel dahak pasien tuberkulosis yang diambil dilihat menggunakan mikroskop. Data asli berukuran 800x600 piksel, sebanyak 40 gambar yang dibedakan menjadi empat kelompok. Pengelompokan citra digital ini berdasarkan warna *background* dari preparat. Perbedaan warna *background* preparat disebabkan oleh perbedaan proses dan teknik pewarnaan preparat dengan menggunakan metode *Ziehl Neelsen*.

Keempat kelompok ini terdiri dari kelompok kuning, hijau, biru dan gelap. Setiap kelompok warna preparat terdiri dari 10 gambar digital. Yang terdiri dari 149 data bakteri tuberkulosis pada kelompok preparat kuning, 60 data pada kelompok hijau, 241 data pada kelompok biru, 119 data pada kelompok gelap. Contoh data asli dari masing-masing kelompok dapat dilihat pada Gambar 4.2

#### 4.3.1 Preprocessing dan Segmentasi Citra Data Asli

Pada proses *preprocessing* dan segmentasi pada citra preparat tuberkulosis. citra preparat yang berada pada kanal warna RGB kemudian dikonversi ke kanal warna *Hue, Saturation, Value* (HSV). Konversi ini bertujuan untuk memisahkan antara bakteri tuberkulosis dan *background* dari preparat. Area yang dipisahkan dari *background* adalah area yang berwarna merah pada gambar asli. Area yang berwarna merah merupakan bakteri tuberkulosis yang nampak pada preparat akibat proses pewarnaan *Ziehl Neelsen*. Warna bakteri tuberkulosis dan *background* preparat yang berbeda-beda membutuhkan proses konversi yang adaptif terhadap warna. HSV dipilih karena nilai skalarnya dapat disesuaikan pada setiap kelompok preparat untuk mendapatkan hasil segmentasi bakteri tuberkulosis secara maksimal. Hal ini mengakibatkan nilai scalar setiap kelompok berbeda-beda.

Nilai scalar pada setiap kelompok didapatkan secara manual dengan mengkonversi bagian *Hue*, *Saturation*, dan *Value*. Kelompok warna kuning menggunakan nilai scalar HSV 179; 255; 255, sedangkan kelompok warna hijau menggunakan nilai scalar 170;170;255, kelompok biru menggunakan nilai scalar 179; 255; 180, dan kelompok gelap menggunakan nilai scalar 180; 255; 180.

Masing-masing nilai scalar pada setiap kelompok preparat bertujuan untuk memisahkan bakteri tuberkulosis dengan preparat. Daerah yang merupakan bakteri tuberkulosis dikonversi menjadi warna putih sementara background preparat dikonversi menjadi warna hitam. Sehingga konversi ke kanal warna HSV menghasilkan gambar biner dengan daerah warna putih menunjukkan bakteri tuberkulosis dengan nilai piksel 1, sementara daerah warna hitam merupakan background preparat dengan nilai piksel 0.

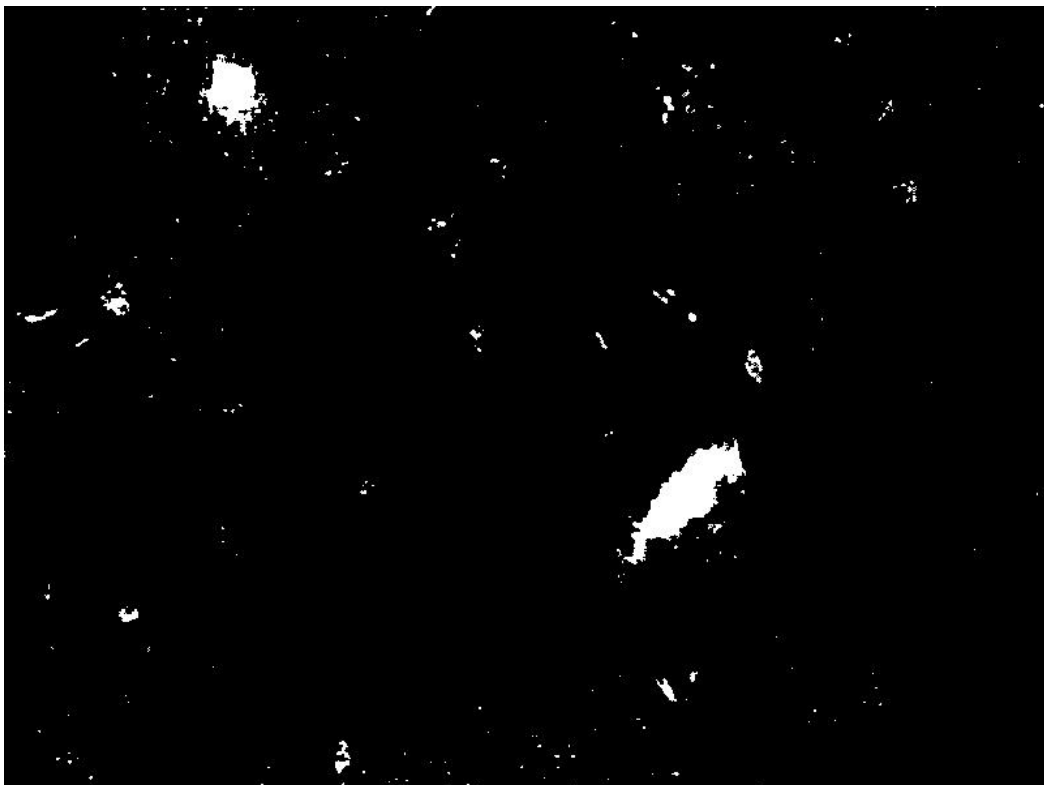
Dari gambar diatas dapat disimpulkan bahwa konversi ke kanal warna HSV dapat digunakan untuk mensegmentasi bakteri baik pada kelompok preparat berwarna kuning, hijau, biru maupun gelap. Hasil HSV dari keempat kelompok dapat dilihat pada Gambar 4.13



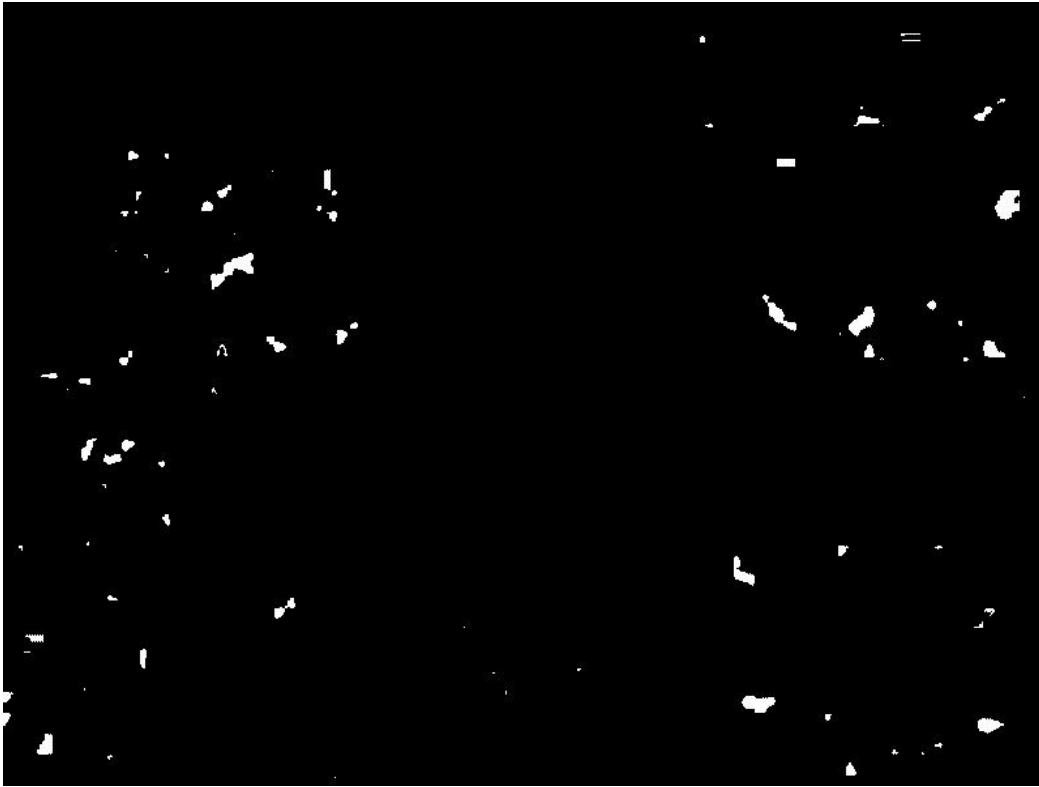
(a)



(b)



(c)



(d)

Gambar 4.13 Citra Preparat Digital pada Kanal Warna HSV (a) Kelompok Kuning (b) Kelompok Hijau (c) Kelompok Biru (d) Kelompok Gelap

#### 4.3.2 Operasi Morfologi pada Data Asli

Setelah dilakukan konversi ke kanal warna HSV, citra preparat digital kemudian dilakukan operasi morfologi guna memperbaiki struktur bakteri tuberkulosis yang ditemukan pada gambar. Operasi morfologi yang digunakan adalah *opening* dan *closing*.

*Opening* terdiri dari erosi dan dilasi, sementara *closing* terdiri dari dilasi dan erosi. *Opening* dan *closing* dijalankan masing-masing satu kali atau secara lebih rinci erosi, dilasi, dilasi dan erosi yang diterapkan secara berurutan pada gambar bakteri tuberkulosis. Persamaan *opening* dan *closing* ditunjukkan pada Formula 3.1 dan 3.2.

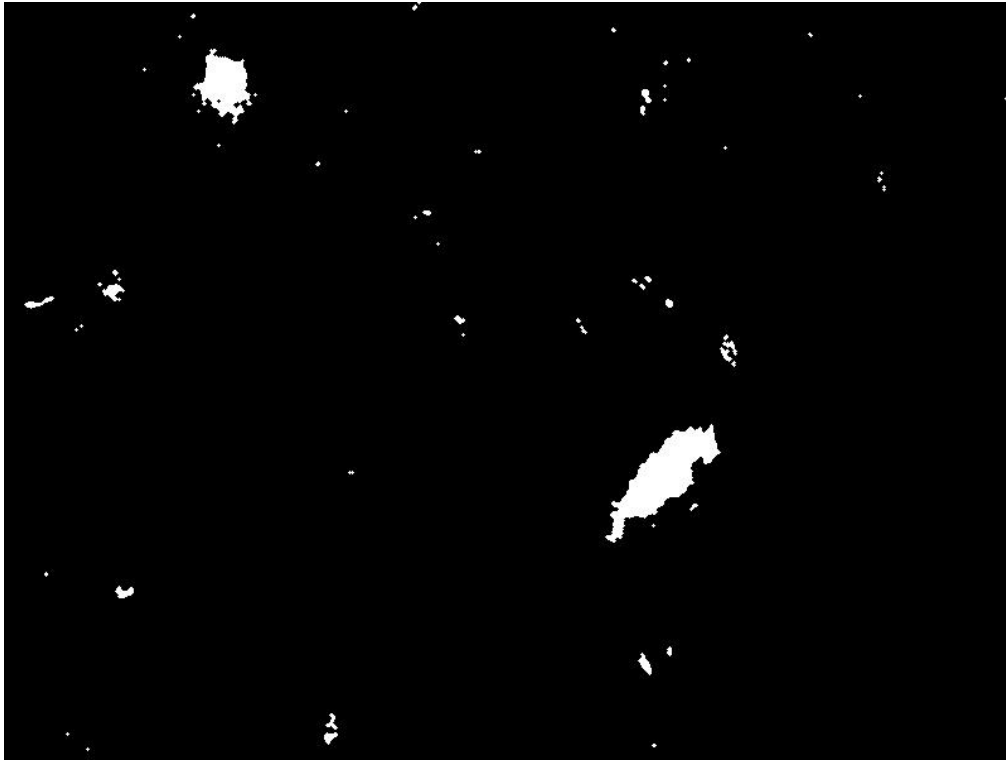




(a)



(b)



(c)



(d)

Gambar 4.14 Citra Preparat Digital setelah dilakukan *Opening* dan *Closing* (a) Kelompok Kuning (b) Kelompok Hijau (c) Kelompok Biru (d) Kelompok Gelap

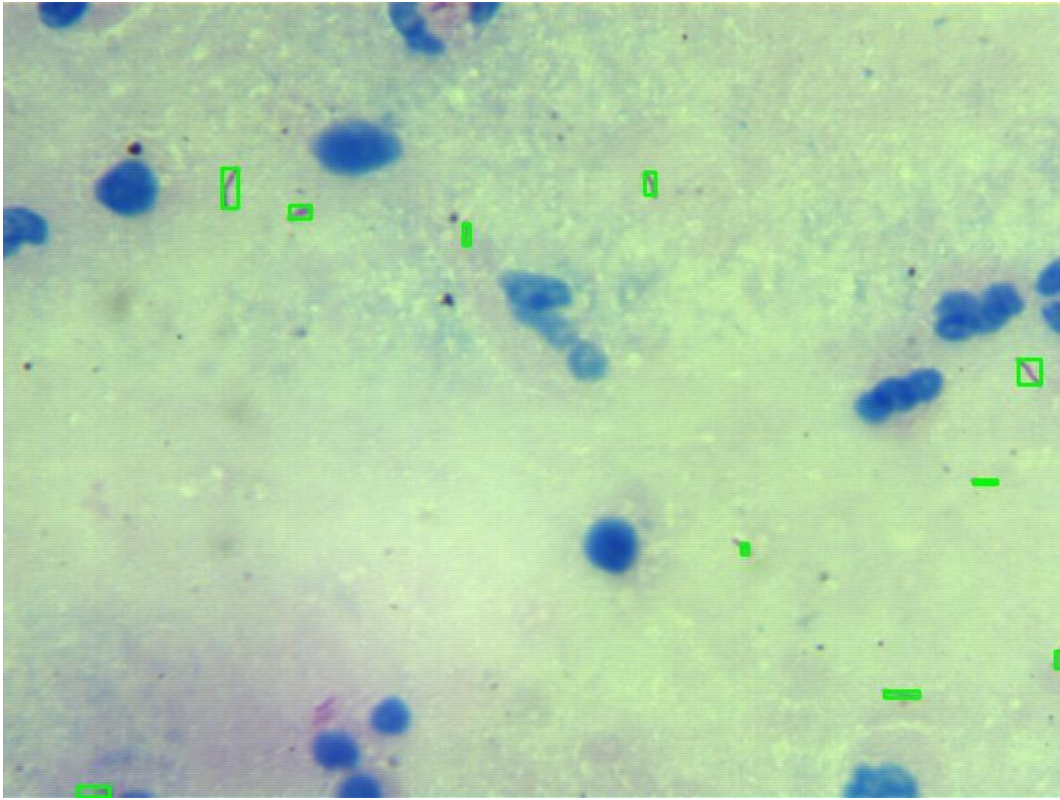
Gambar 4.14 menunjukkan citra digital preparat yang telah diterapkan operasi morfologi berupa *opening* dan *closing*. Terlihat perbedaan signifikan sebelum dan setelah dilakukan operasi morfologi. Pada Gambar 4.13 terlihat bagian putih yang diduga bakteri tuberkulosis menjadi lebih padat dan lebih jelas, sementara beberapa titik yang bukan termasuk bakteri menjadi tidak terlihat lagi. Bakteri yang berdekatan menjadi lebih jelas dan terpisah.

Gambar 4.14 membuktikan bahwa teknik *opening* dan *closing* mampu mengubah morfologi dari bakteri tuberkulosis agar dapat dilanjutkan pada proses setelahnya. Dan juga membuktikan bahwa teknik *opening* dan *closing* tidak hanya dapat diterapkan pada data sintetis tetapi juga dapat diterapkan ke citra digital preparat semua kelompok warna *background* preparat baik kelompok preparat kuning, hijau, biru dan kelompok preparat gelap.

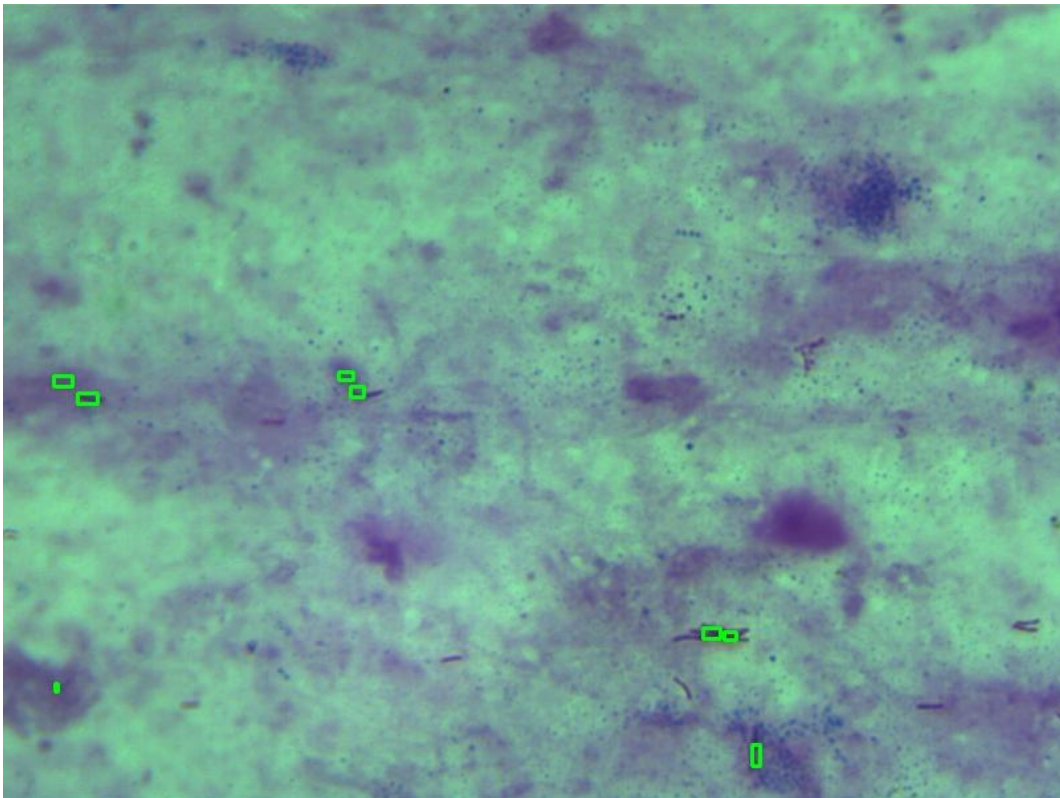
#### **4.3.3 ROI pada Data Asli**

Setelah mendapatkan citra segmentasi (citra bakteri tuberkulosis yang telah terpisah dari background), proses yang akan dilakukan selanjutnya adalah ekstraksi fitur-fitur pada bakteri tuberkulosis. Fitur bakteri yang digunakan diperoleh dari bentuk khas bakteri tuberkulosis antara lain panjang bakteri tuberkulosis, jumlah *endpoint* dan jumlah percabangan pada bakteri tuberkulosis.

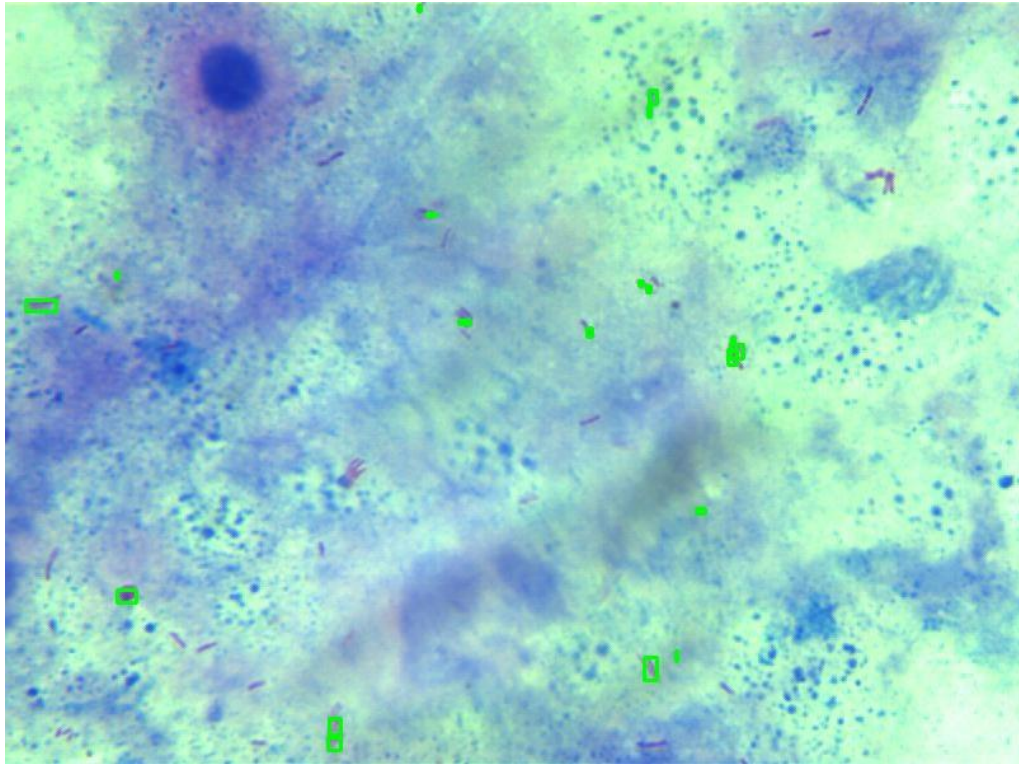
Sebelum dilakukan proses ekstraksi fitur bakteri tuberkulosis yang sudah disegmentasi terlebih dahulu *dicrop* secara otomatis berdasarkan ROI. ROI melakukan *scanning* pada setiap piksel yang terdapat pada gambar dan mendeteksi piksel bernilai 1. Piksel dengan nilai 1 pada gambar biner adalah bagian putih pada gambar yang diduga bakteri tuberkulosis. Setelah proses *scanning*, piksel yang memiliki nilai 1 dan berhimpitan satu sama lain akan dideteksi secara otomatis dengan membatasi daerah ROI dengan batas atas bawah dan tepi dari piksel bernilai 1. Daerah yang merupakan ROI ditandai sebagai bujur sangkar berwarna hijau pada citra digital preparat seperti yang ditunjukkan pada Gambar 4.15. Batas dari wilayah yang merupakan ROI adalah setiap ujung terluar dari bakteri tuberkulosis. Daerah yang merupakan ROI ditandai sebagai bujur sangkar berwarna hijau pada citra digital preparat kemudian *dicrop* secara otomatis sesuai bagian ROI seperti pada Gambar 4.16.



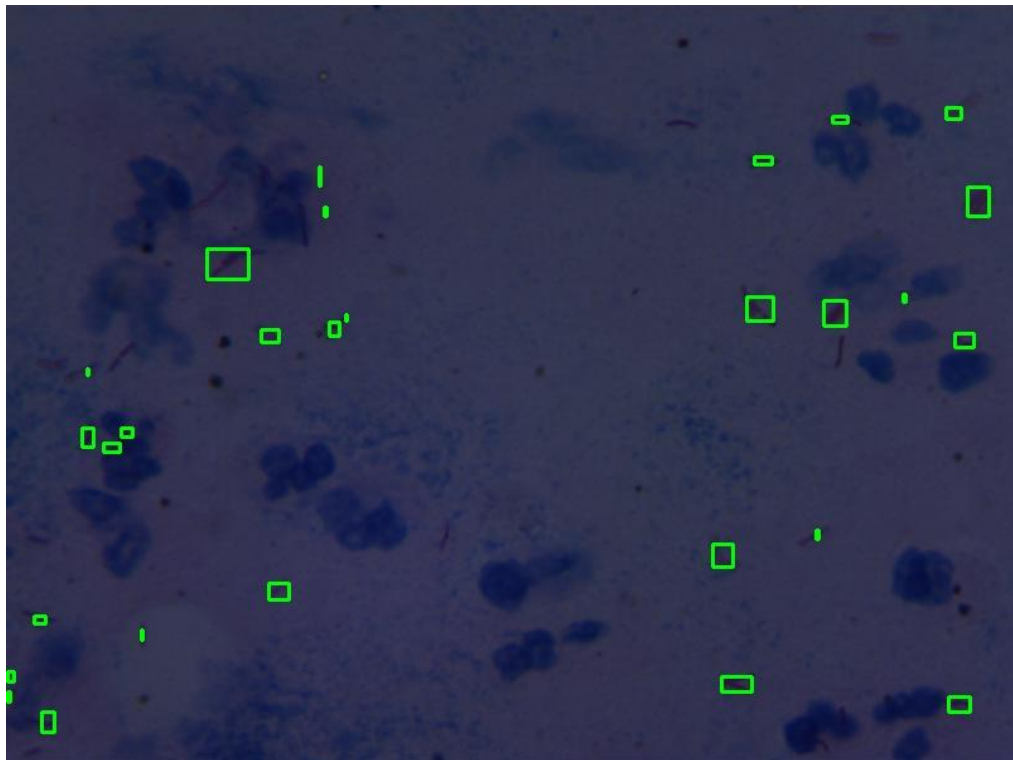
(a)



(b)

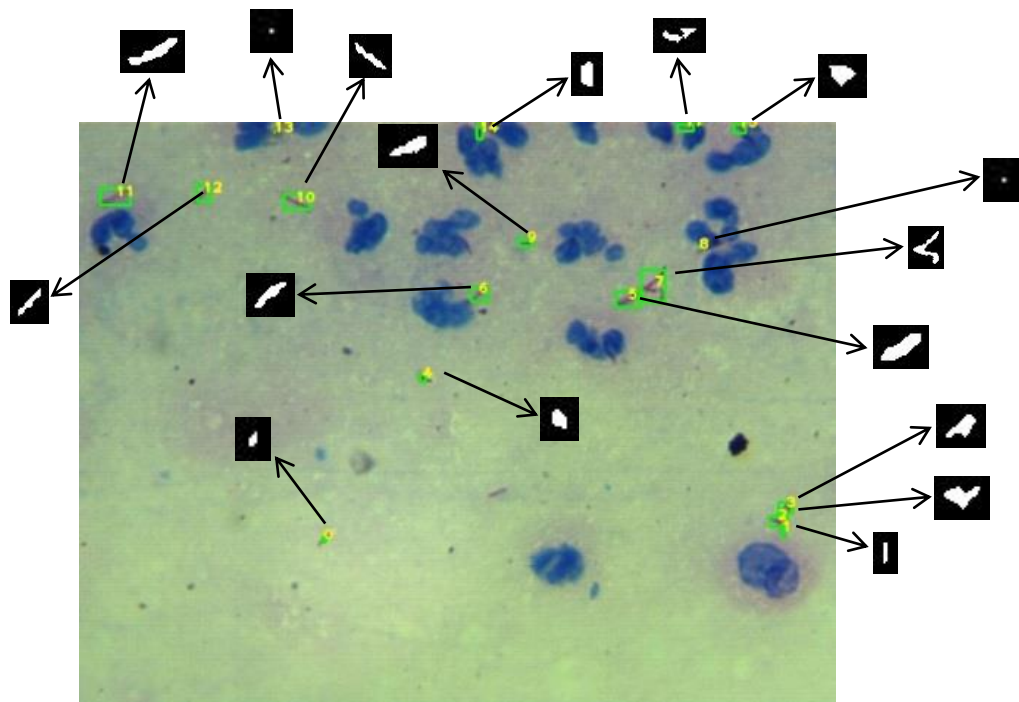


(c)



(d)

Gambar 4.15 Region of Interst (a) Kelompok Kuning (b) Kelompok Hijau (c) Kelompok Biru (d) Kelompok Gelap



Gambar 4.16 Contoh Hasil Potongan Bakteri Setelah ROI



Gambar 4.17 Hasil *Cropping* Otomatis dari ROI

























Gambar 4.17 menunjukkan hasil *cropping* ROI secara otomatis. *Background* hitam menunjukkan contoh bakteri tuberkulosis yang di *crop* pada gambar biner hasil operasi morfologi secara otomatis sesuai *region of interest* yang sudah ditentukan. Hal ini membuktikan bahwa ROI dapat diterapkan untuk membatasi mana yang diduga sebagai bakteri tuberkulosis. ROI dapat diterapkan pada semua kelompok warna baik kelompok preparat kuning, hijau, biru dan gelap.

#### 4.3.4 *Skeletonizing* pada Data Asli

Langkah selanjutnya adalah *skeletonizing* bakteri tuberkulosis. Proses *skeletonizing* dilakukan pada citra bakteri tuberkulosis yang sudah di *crop* dari gambar preparat. Contoh hasil *skeletonizing* dari gambar biner ROI dapat dilihat pada Tabel 4.6.



Tabel 4.6 Contoh Hasil *Skeletonizing* dari Bakteri Tuberkulosis

Hasil ROI	Hasil Skeletonizing	Hasil ROI	Hasil Skeletonizing
			
			
			
			
			
			

#### 4.3.5 Lokalisasi Bakteri







Setelah proses segmentasi warna dengan mengkonversi warna dari kanal RGB ke kanal HSV, masih ada beberapa bagian preparat yang terbaca sebagai bakteri saat proses ROI. Hal ini disebabkan karena warna *background* preparat tidak jauh berbeda dengan warna bakteri tuberkulosis. Lokalisasi bakteri bertujuan untuk menyeleksi bagian yang benar-benar bakteri tuberkulosis. Proses lokalisasi dilakukan setelah gambar bakteri di *skeletonizing*. Potongan yang memiliki panjang kurang dari 3 piksel, memiliki *endpoint* kurang dari 2 dan memiliki luas kurang dari 750 piksel tidak termasuk dalam bakteri tuberkulosis.

#### 4.3.6 Menghitung Panjang Bakteri pada Data Asli

Fitur bakteri tuberkulosis diperoleh dari citra bakteri tuberkulosis yang sudah di *skeletonizing*. Fitur yang diperoleh dari bakteri tuberkulosis adalah panjang bakteri, jumlah *endpoint* dan jumlah percabangan dari bakteri tuberkulosis. Fitur ini digunakan untuk mencari perbedaan bentuk dari bakteri tuberkulosis tunggal dan bakteri tuberkulosis rangkap.

Ciri bakteri tuberkulosis tunggal adalah memiliki 2 *endpoint*, tidak memiliki percabangan, dan memiliki panjang sama dengan mayoritas bakteri tunggal yang lain. Sementara ciri bakteri tuberkulosis rangkap antara lain : (1) memiliki 2 endpoint dan memiliki panjang bakteri 2 kali atau lebih panjang dari bakteri tunggal, (2) memiliki lebih dari dua end point bakteri, (3) memiliki percabangan. Fitur pertama dari bakteri tuberkulosis adalah panjang bakteri, contoh panjang bakteri adalah sebagai berikut:

























Tabel 4.7 Contoh Panjang Bakteri

Bakteri TB	Panjang	Bakteri TB	Panjang
	= 5		= 27
	= 10		= 13
	= 16		= 11

#### 4.3.7 Menghitung *Endpoint* Bakteri pada Data Asli

Fitur bakteri tuberkulosis yang diperoleh dari citra bakteri tuberkulosis yang sudah di *skeletonizing* adalah *endpoint*. Contoh *endpoint* dari bakteri tuberkulosis dapat dilihat pada Tabel 4.8

Tabel 4.8 Contoh Hasil *Endpoint* dari Bakteri Tuberkulosis
























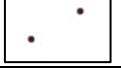
Hasil <i>Skeletonizing</i>	<i>Endpoint</i>	Jumlah <i>Endpoint</i>	Hasil <i>Skeletonizing</i>	<i>Endpoint</i>	Jumlah <i>Endpoint</i>
		3			2
		3			2
		2			2
		3			2
		2			3
		3			2



#### 4.3.8 Menghitung Percabangan Bakteri pada Data Asli

Fitur terakhir yang diperoleh dari bakteri tuberkulosis adalah percabangan bakteri. Bakteri ganda memiliki percabangan satu (1) maupun lebih dari satu. Sementara bakteri tunggal tidak memiliki percabangan. Contoh percabangan bakteri dapat dilihat pada Tabel 4.9

Tabel 4.9 Contoh Hasil Percabangan dari Bakteri Tuberkulosis

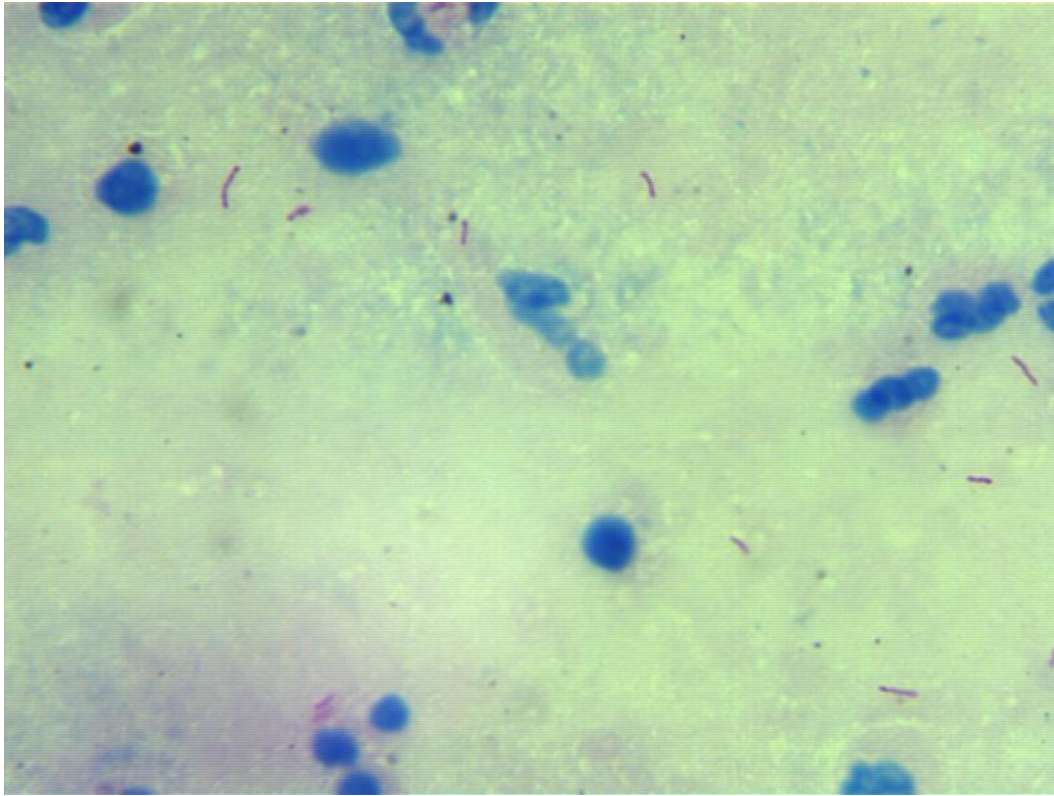
Hasil <i>Skeletonizing</i>	Cabang	Jumlah Cabang	Hasil <i>Skeletonizing</i>	Cabang	Jumlah Cabang
		1			2
		1			0
		0			0
		1			0
		0			1
		1			0

#### 4.3.9 Klasifikasi

Fitur-fitur bakteri diatas dijadikan input untuk proses *training* dan *testing* yang berguna untuk mengklasifikasi bakteri tuberkulosis menjadi bakteri rangkap dan tunggal. Klasifikasi bakteri tuberkulosis menggunakan metode *backpropagation* dan metode K-NN. Klasifikasi bakteri tuberkulosis akan dijelaskan lebih rinci pada Subbab 4.4

#### 4.3.10 Rangkuman Alur Pengerjaan Data Asli

Subbab 4.3.8 merupakan rangkuman alur pengerjaan dari data asli, dengan menggunakan salah satu citra dari kelompok preparat kuning. Rangkuman alur pengerjaan dimaksudkan agar lebih mudah dipahami.



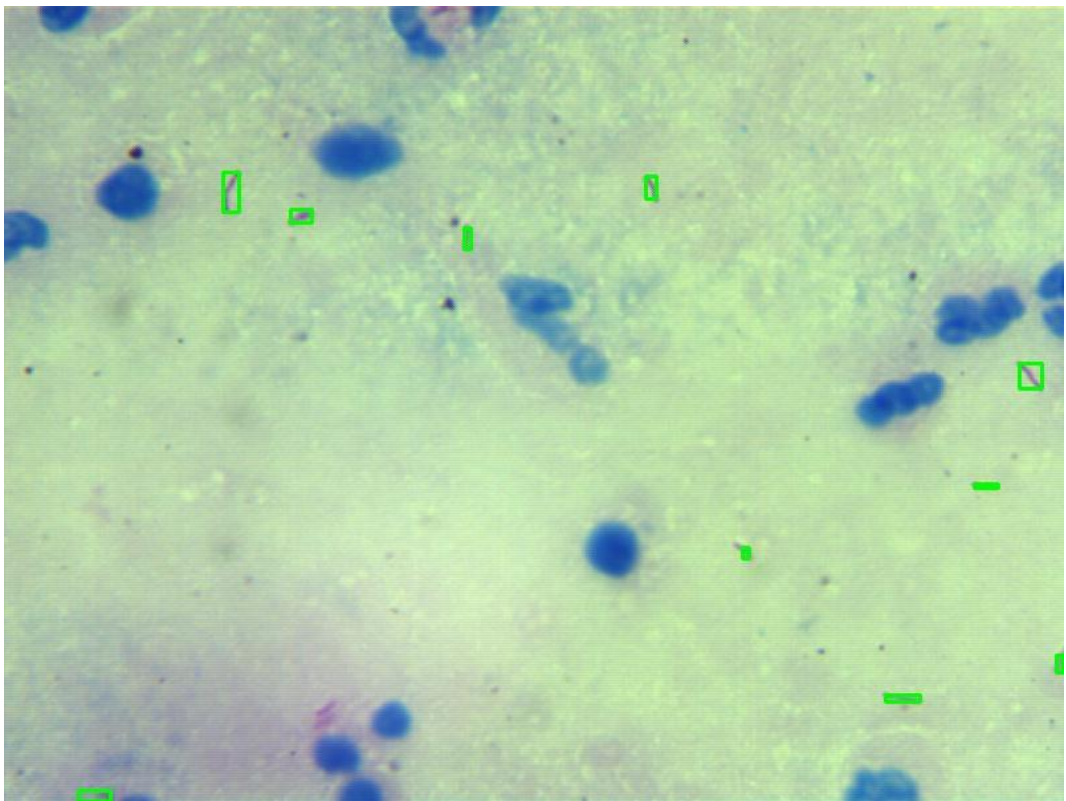
Gambar 4.18 Citra Digital Sampel Dahak Kelompok Preparat Kuning



Gambar 4.19 Langkah 1: Hasil konversi citra digital dari kanal warna RGB ke kanal warna HSV



Gambar 4.20 Langkah 2: Hasil Operasi Morfologi setelah Konversi ke Kanal Warna HSV



Gambar 4.21 Langkah 3: Menandai Bagian ROI pada Citra Digital



Gambar 4.22 Contoh Hasil Cropping Otomatis Setelah ROI

Tabel 4.10 Langkah 4: *Skeletonizing* bakteri tuberkulosis




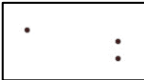




Hasil ROI	Hasil <i>Skeletonizing</i>	Hasil ROI	Hasil <i>Skeletonizing</i>

Tabel 4.11 Langkah 6 Hitung Panjang Bakteri, Setelah Lokalisasi (Langkah 5)














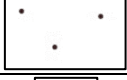









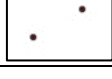
Bakteri TB	Panjang	Bakteri TB	Panjang
	= 5		= 27
	= 10		= 13
	= 16		= 11

Tabel 4.12 Langkah 7 Hitung Endpoint Bakteri Tuberkulosis

Hasil <i>Skeletonizing</i>	Endpoint	Jumlah <i>Endpoint</i>	Hasil <i>Skeletonizing</i>	<i>Endpoint</i>	Jumlah <i>Endpoint</i>
		3			2
		3			2
		2			2
		3			2

Hasil <i>Skeletonizing</i>	Endpoint	Jumlah <i>Endpoint</i>	Hasil <i>Skeletonizing</i>	<i>Endpoint</i>	Jumlah <i>Endpoint</i>
		2			3
		3			2

Tabel 4.13 Langkah 8 Hitung Cabang Bakteri Tuberkulosis

Hasil <i>Skeletonizing</i>	Cabang	Jumlah Cabang	Hasil <i>Skeletonizing</i>	Cabang	Jumlah Cabang
		1			2
		1			0
		0			0
		1			0
		0			1
		1			0

#### 4.4 Validasi Data Fitur Bakteri

Fitur yang diperoleh dari setiap bakteri kemudian divalidasi secara manual dengan mencocokkan hasil *endpoint* dan percabangan yang didapat dengan gambar bakteri. Hal ini berguna untuk memastikan fitur yang diperoleh dari bakteri tuberkulosis. Contoh hasil validasi dapat dilihat pada Lampiran.

#### 4.5 Klasifikasi Bakteri Tuberkulosis

Proses klasifikasi bakteri tuberkulosis terbagi menjadi 2 (dua) kelas, diantaranya adalah:

- Kelas I menunjukkan bakteri tuberkulosis tunggal
- Kelas II menunjukkan bakteri tuberkulosis rangkap

Parameter uji coba yang digunakan pada penelitian ini adalah sebagai berikut :

1. Tipe citra : ekstensi file .jpg
2. Ukuran citra : 800x600 piksel
3. Jumlah data : 569 data
4. Data training : 341 data yang terdiri dari
  - 90 data kelompok kuning
  - 35 data kelompok hijau
  - 145 data kelompok biru
  - 71 data kelompok gelap
5. Data testing : 228 data yang terdiri dari
  - 59 data kelompok kuning
  - 25 data kelompok hijau
  - 96 data kelompok biru
  - 48 data kelompok gelap

#### 4.6 *K-Nearest Neighbor*

Klasifikasi dengan metode *K-Nearest Neighbor* (K-NN) menggunakan 569 data yang terdiri dari 341 data training dan 228 data testing. Data training terdiri dari 90 data kelompok kuning, 35 data kelompok hijau, 145 data kelompok biru, 71 data kelompok gelap. Data testing terdiri dari 59 data kelompok kuning, 25 data kelompok hijau, 96 data kelompok biru, 48 data kelompok gelap. Pada penelitian ini jumlah tetangga (k) yang digunakan yaitu 1, 3, 5, 7 dan 9. Tabel 4.2 menunjukkan presentase keberhasilan K-NN dalam mengklasifikasi dan mengenali bakteri tuberkulosis.

Tabel 4.14 Prosentase klasifikasi data berdasarkan nilai k

K	Data Benar	Data Salah	Persentase Klasifikasi
Kelompok Preparat Kuning			
1	55	4	93.22%
3	53	6	89.83%
5	53	6	89.83%
7	53	6	89.83%
9	52	7	88.13%
Average			90.17%

K	Data Benar	Data Salah	Persentase Klasifikasi
<b>Kelompok Preparat Hijau</b>			
1	23	2	92%
3	23	2	92%
5	23	2	92%
7	23	2	92%
9	22	3	88%
Average			91.2%
<b>Kelompok Preparat Biru</b>			
1	87	9	90.63%
3	87	9	90.63%
5	87	9	90.63%
7	87	9	90.63%
9	87	9	90.63%
Average			90.63%
<b>Kelompok Preparat Gelap</b>			
1	36	12	75%
3	35	13	72.92%
5	36	12	75%
7	32	16	66.67%
9	33	15	68.75%
Average			71.67%

Tabel 4.14 menunjukkan tingkat akurasi klasifikasi bakteri tuberkulosis menggunakan K-NN. Pada kelompok preparat kuning didapatkan hasil klasifikasi didapatkan hasil prosentase klasifikasi terbesar = 93,22% ketika nilai  $k=1$ . Ketika nilai  $k= 3, 5, 7$  prosentase klasifikasi sama sebesar 89.83% dan prosentase klasifikasi mencapai titik terendah ketika  $k=9$  dengan prosentase 88.13%. Prosentase rata-rata dari penggunaan metode KNN ke citra preparat kelompok background kuning adalah sebesar 90.17%. Preparat hijau didapatkan prosentase klasifikasi sebesar 92% pada nilai  $k=1,3,5,7$  dan sebesar 88% pada  $k=9$ .

Kelompok preparat biru menunjukkan prosentase klasifikasi sebesar 90.63% pada semua nilai  $k$ . Sementara kelompok preparat gelap menunjukkan prosentase tertinggi saat nilai  $k=1$  dan 3 sebesar 75%.

Dari hasil percobaan diatas, maka dapat disimpulkan nilai  $k$  yang paling efektif untuk mengklasifikasi bakteri tuberkulosis adalah ketika  $k$  bernilai 1 karena walaupun kelompok preparat hijau dan biru memiliki prosentase sama pada semua nilai  $k$  tetapi kelompok preparat kuning dan gelap mencapai

prosentase akurasi tertinggi. Sementara hasil klasifikasi terendah adalah ketika nilai  $k=1$ . walaupun kelompok preparat kuning, hijau dan gelap memiliki prosentase sama pada semua nilai  $k$  tetapi kelompok preparat biru mencapai prosentase akurasi terendah ketika  $k=9$ .

Dapat disimpulkan bahwa akurasi keberhasilan tertinggi pada metode K-NN dalam mengklasifikasi dan mengenali bakteri tuberkulosis adalah ketika nilai  $k=1$ . Dan klasifikasi menggunakan K-NN mampu mengklasifikasi bakteri tuberkulosis dengan prosentase tertinggi pada kelompok preparat kuning dengan prosentase sebesar 93.22%.

#### 4.6.1 K-Nearest Neighbor untuk Bakteri Tunggal

Tabel 4.15 Hasil klasifikasi bakteri tunggal dengan nilai  $k=1$

Bakteri tunggal	TP	FP	FN	TN
Kuning	50	0	4	5
Hijau	22	0	2	1
Biru	71	4	5	16
Gelap	27	9	3	9
Total	170	13	14	31

Dari nilai pada Tabel 4.15, maka didapat *nilai true positive rate* (TPR), *false positif rate* (FPR) dan akurasi sebagai berikut :

$$TPR = \frac{170}{170 + 14} = 0.9239 \quad FPR = \frac{13}{13 + 31} = 0.295$$

$$Accuracy = \frac{170 + 31}{170 + 13 + 14 + 31} \times 100\% = 88.16\%$$

Pada pengujian kelas bakteri tunggal metode K-NN dengan  $k=1$  memiliki *sensitivity* 0,9239 dan *specificity* 0.295 sehingga akurasi metode K-NN mengklasifikasi bakteri tunggal adalah sebesar 88,16%

Tabel 4.16 Hasil klasifikasi bakteri tunggal dengan nilai  $k=9$

Bakteri tunggal	TP	FP	FN	TN
Kuning	50	0	7	2



Bakteri tunggal	TP	FP	FN	TN
Hijau	25	0	3	0
Biru	71	4	5	16
Gelap	24	12	3	9
Total	170	16	18	27

Dari nilai pada Tabel 4.16, maka didapat *nilai true positive rate* (TPR), *false positif rate* (FPR) dan akurasi sebagai berikut :

$$TPR = \frac{170}{170 + 18} = 0.9043 \quad FPR = \frac{16}{16 + 27} = 0.3721$$

$$Accuracy = \frac{170 + 27}{170 + 16 + 18 + 27} \times 100\% = 85.28\%$$

Pada pengujian kelas bakteri tunggal metode K-NN dengan k=9 memiliki *sensitivity* 0,9043 dan *specificity* 0.3721 sehingga akurasi metode K-NN mengklasifikasi bakteri tunggal adalah sebesar 85,28%

#### 4.6.2 K-Nearest Neighbor untuk Bakteri Ganda

Tabel 4.17 Hasil klasifikasi bakteri ganda dengan nilai k=1

Bakteri ganda	TP	FP	FN	TN
Kuning	5	4	0	50
Hijau	1	2	0	22
Biru	16	5	4	71
Gelap	9	3	9	27
Total	31	14	13	170

Dari nilai pada Tabel 4.17, maka didapat *nilai true positive rate* (TPR), *false positif rate* (FPR) dan akurasi sebagai berikut :

$$TPR = \frac{31}{31 + 13} = 0.7045 \quad FPR = \frac{13}{13 + 170} = 0.071$$

$$Accuracy = \frac{31 + 170}{31 + 14 + 13 + 170} \times 100\% = 88.16\%$$

Pada pengujian kelas bakteri tunggal metode KNN dengan k=1 memiliki *sensitivity* 0,7045 dan *specificity* 0.071 sehingga akurasi metode K-NN mengklasifikasi bakteri tunggal adalah sebesar 88,16%

Tabel 4.18 Hasil klasifikasi bakteri ganda dengan nilai k=9

Bakteri tunggal	TP	FP	FN	TN
Kuning	2	7	0	50
Hijau	0	3	0	25
Biru	16	5	4	71
Gelap	9	3	12	24
Total	27	18	16	170

Dari nilai pada Tabel 4.18, maka didapat *nilai true positive rate* (TPR), *false positif rate* (FPR) dan akurasi sebagai berikut :

$$TPR = \frac{27}{27 + 16} = 0.6279 \quad FPR = \frac{18}{18 + 170} = 0.096$$

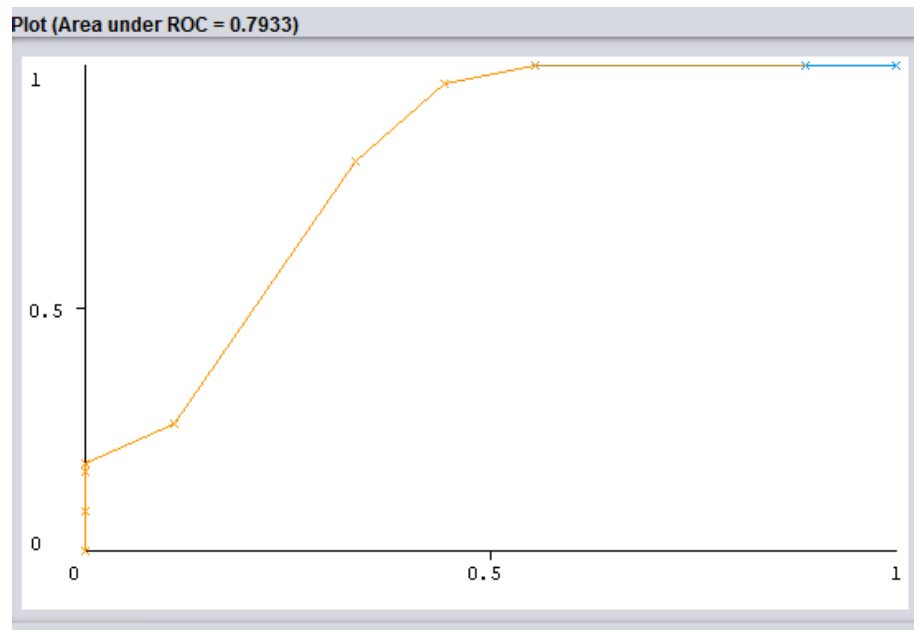
$$Accuracy = \frac{27 + 170}{27 + 18 + 16 + 170} \times 100\% = 85.28\%$$

Pada pengujian kelas bakteri ganda metode K-NN dengan k=9 memiliki *sensitivity* 0,6279 dan *specificity* 0.096 sehingga akurasi metode K-NN mengklasifikasi bakteri tunggal adalah sebesar 85,28%.

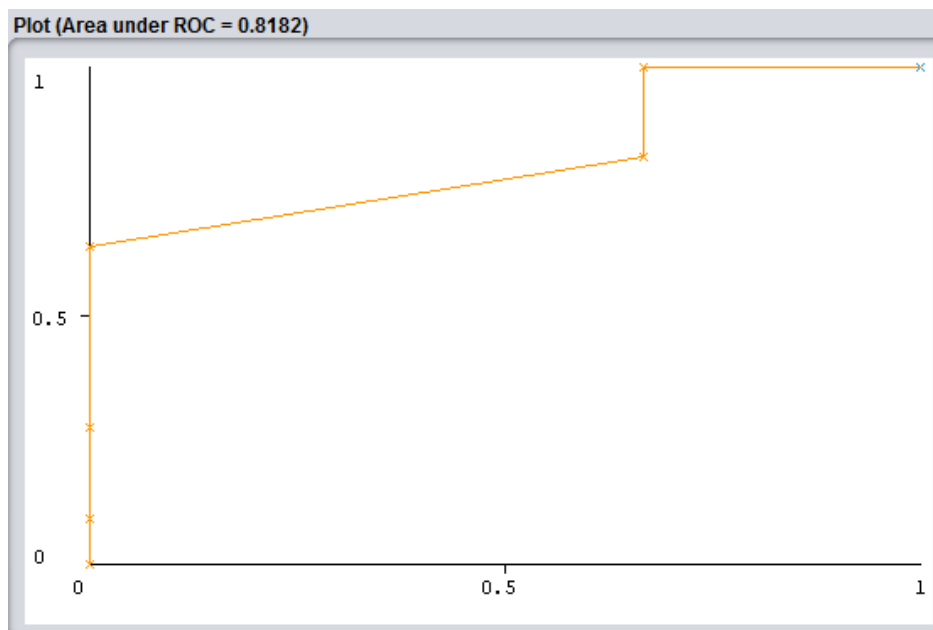
#### 4.6.3 Kurva ROC untuk K-NN

Gambar 4.23 menunjukkan grafik ROC untuk metode K-NN pada kelompok preparat kuning. *Area Under the Curve* (AUC) menunjukkan nilai 0.7933 artinya metode K-NN yang digunakan untuk kelompok preparat kuning termasuk dalam kategori baik.

Gambar 4.24 menunjukkan grafik ROC untuk metode K-NN pada kelompok preparat hijau. *Area Under the Curve* (AUC) menunjukkan nilai 0.8182 artinya metode K-NN yang digunakan untuk kelompok preparat hijau termasuk dalam kategori baik.

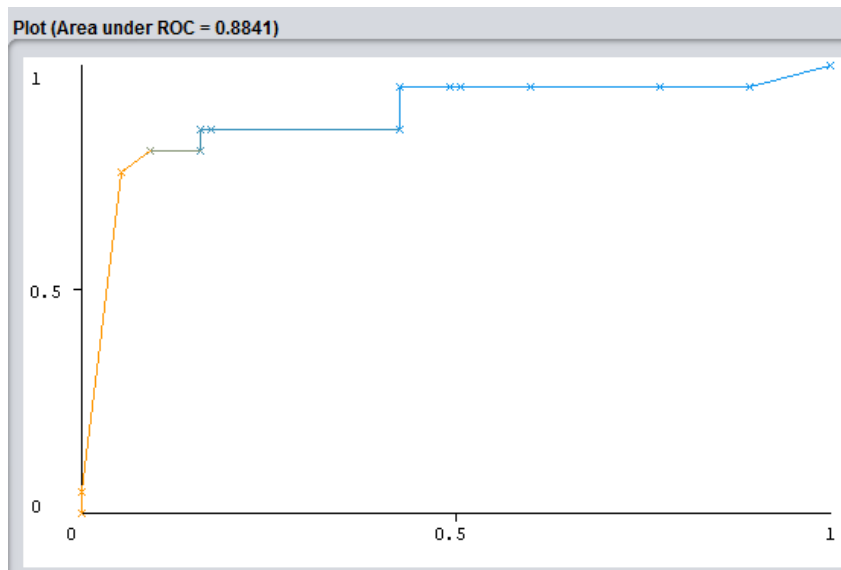


Gambar 4.23 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Kuning



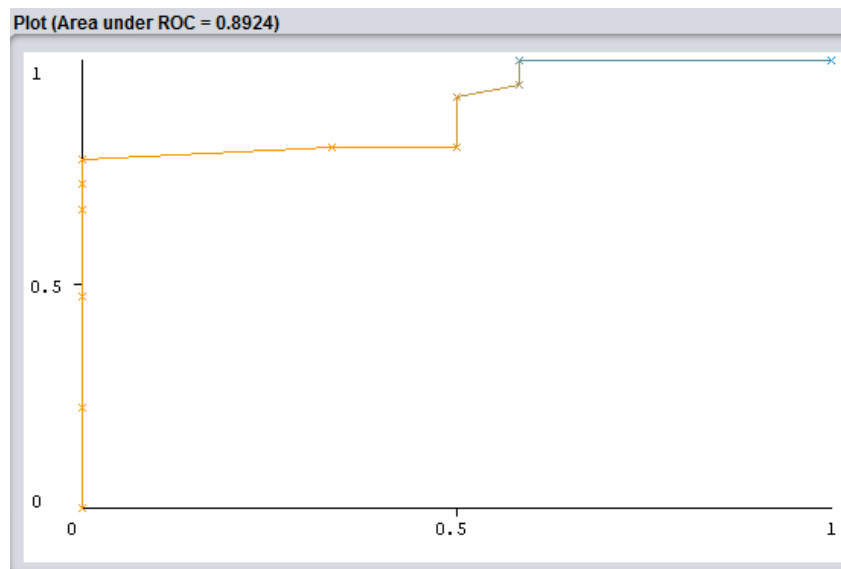
Gambar 4.24 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Hijau

Gambar 4.25 menunjukkan grafik ROC untuk metode K-NN pada kelompok preparat biru. *Area Under the Curve* (AUC) menunjukkan nilai 0.8841 artinya metode K-NN yang digunakan untuk kelompok preparat biru termasuk dalam kategori baik.



Gambar 4.25 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Biru

Gambar 4.26 menunjukkan grafik ROC untuk metode K-NN pada kelompok preparat gelap. *Area Under the Curve* (AUC) menunjukkan nilai 0.8924 artinya metode K-NN yang digunakan untuk kelompok preparat gelap termasuk dalam kategori baik.



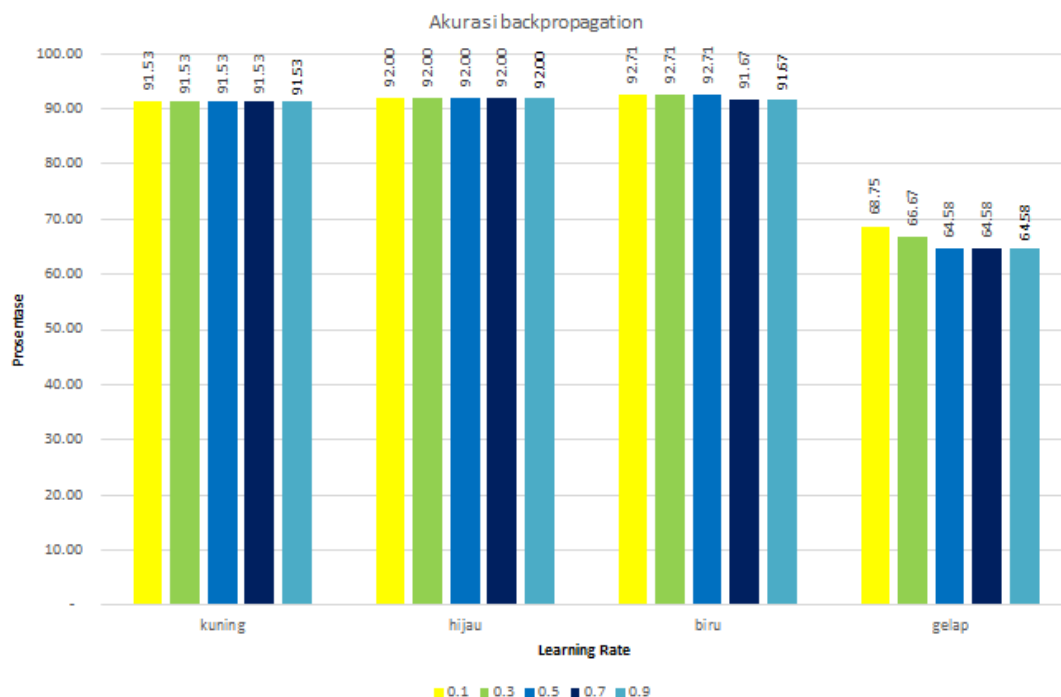
Gambar 4.26 Kurva ROC untuk Metode K-NN pada Kelompok Preparat Gelap

#### 4.7 Backpropagation

Metode klasifikasi berikutnya adalah dengan *feed forward backpropagation*. Metode *Backpropagation* menggunakan 569 data yang terdiri dari 341 data *training* dan 228 data *testing*. Data *training* terdiri dari 90 data kelompok kuning, 35 data kelompok hijau, 145 data kelompok biru, 71 data kelompok gelap. Data

testing terdiri dari 59 data kelompok kuning, 25 data kelompok hijau, 96 data kelompok biru, 48 data kelompok gelap .

Gambar 4.27 menunjukkan tingkat akurasi metode klasifikasi bakteri tuberkulosis berdasarkan laju pembelajaran (*learning rate*) yang digunakan. Pada gambar tersebut dilakukan percobaan dengan menggunakan nilai  $\alpha$  (*learning rate*) 0.1, 0.3, 0.5, 0.7, 0.9. gambar diatas juga menunjukkan bahwa prosentase terbaik ketika nilai  $\alpha = 0.1$ .



Gambar 4.27 Perbandingan Akurasi Backpropagation berdasarkan Learning Rate

Parameter uji coba yang digunakan pada penelitian ini adalah sebagai berikut :

1. Training function : *backpropagation*
2. Jumlah neuron pada *hidden layer* : 2
3. Jumlah neuron *input* : 3
4. Jumlah neuron *output* : 2
5. *Transfer function sigmoid biner*
6. *Learning rate* : 0.1
7. *Epoch* : 500

Tabel 4.19 menunjukkan hasil dari percobaan klasifikasi bakteri tuberkulosis dengan menggunakan metode *backpropagation* dengan parameter uji coba seperti yang disebutkan diatas.

Tabel 4.19 Prosentase Akurasi dalam Klasifikasi Bakteri Tuberkulosis Menggunakan *Backpropagation*

Kelompok	Data benar	Data salah	Prosentase kebenaran
Kuning	54	5	91.53%
Hijau	23	2	92%
Biru	88	7	92.71%
Gelap	33	15	68.75%

Tabel 4.19 menunjukkan bahwa metode klasifikasi bakteri tuberkulosis menggunakan *backpropagation* mampu mengklasifikasi sel berdasarkan 2 kelas yaitu bakteri tunggal dan bakteri rangkap. Prosentase untuk mengenali bakteri tuberkulosis pada preparat kuning adalah sebesar 91.53% sedangkan untuk preparat hijau adalah sebesar 92%. Prosentase akurasi untuk kelompok preparat biru adalah sebesar 92.71% dan untuk kelompok preparat gelap adalah sebesar 68.75%. Jadi dapat disimpulkan bahwa metode kelompok preparat biru memiliki prosentase terbesar yaitu 92.71%. Untuk memperjelas akurasi metode *backpropagation* dalam mengklasifikasi bakteri tuberkulosis dijelaskan pada sub-bab 4.6.1 dan 4.6.2.

#### 4.7.1 *Backpropagation* untuk Bakteri Tunggal

Tabel 4.20 Hasil klasifikasi bakteri tunggal menggunakan *backpropagation*

Bakteri tunggal	TP	FP	FN	TN
Kuning	50	0	5	4
Hijau	22	0	2	1
Biru	71	4	3	18
Gelap	24	12	3	9
Total	167	16	13	32

Dari nilai pada Tabel 4.20, maka didapat *nilai true positive rate* (TPR), *false positif rate* (FPR) dan akurasi sebagai berikut :

$$TPR = \frac{167}{167 + 13} = 0.92.77\% \quad FPR = \frac{16}{16 + 32} = 0.3333$$

$$Accuracy = \frac{167 + 32}{167 + 16 + 13 + 32} \times 100\% = 87.28\%$$

Pada pengujian kelas bakteri tunggal metode *backpropagation* memiliki *sensitivity* 0,9277 dan *specificity* 0.3333 sehingga akurasi metode *Backpropagation* mengklasifikasi bakteri tunggal adalah sebesar 87.28%.

#### 4.7.2 *Backpropagation* untuk Bakteri Ganda

Tabel 4.21 Hasil klasifikasi bakteri ganda menggunakan *backpropagation*

Bakteri ganda	TP	FP	FN	TN
Kuning	4	5	0	50
Hijau	1	2	0	22
Biru	18	3	4	71
Gelap	9	3	12	24
Total	32	13	16	167

Dari nilai pada Tabel 4.21, maka didapat *nilai true positive rate* (TPR), *false positif rate* (FPR) dan akurasi sebagai berikut :

$$TPR = \frac{32}{32 + 16} = 0.6667 \quad FPR = \frac{13}{13 + 167} = 0.0722$$

$$Accuracy = \frac{32 + 167}{32 + 13 + 16 + 167} \times 100\% = 87.28\%$$

Pada pengujian kelas bakteri rangkap metode *backpropagation* memiliki *sensitivity* 0,6667 dan *specificity* 0.0722 sehingga akurasi metode *backpropagation* mengklasifikasi bakteri tunggal adalah sebesar 87.28%.

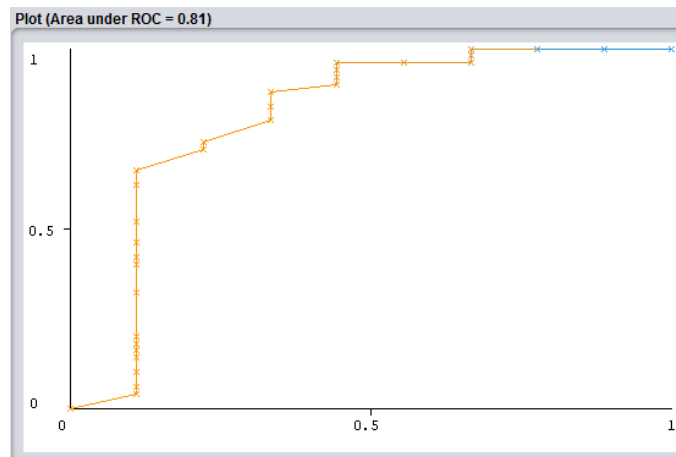
#### 4.7.3 Kurva ROC untuk *Backpropagation*

Gambar 4.28 menunjukkan grafik ROC untuk metode *backpropagation* pada kelompok preparat kuning. *Area Under the Curve* (AUC) menunjukkan nilai

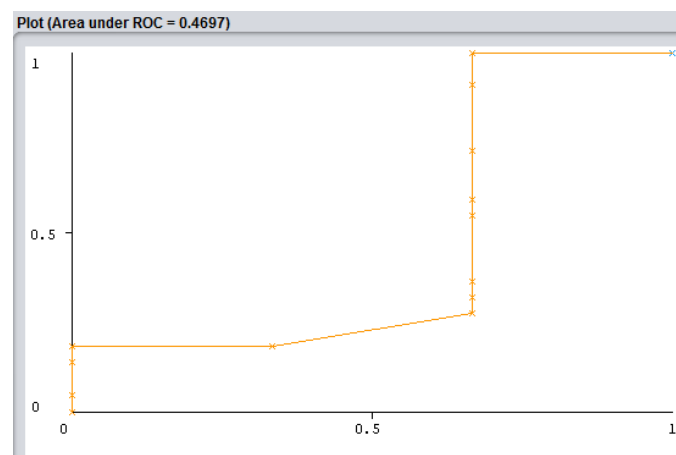
0.81 artinya metode *backpropagation* yang digunakan untuk kelompok preparat gelap termasuk dalam kategori baik.

Sementara Gambar 4.29 menunjukkan grafik ROC untuk metode *backpropagation* pada kelompok preparat hijau. AUC menunjukkan nilai 0.4697 yang menunjukkan bahwa metode *backpropagation* pada kelompok preparat hijau memiliki kemampuan klasifikasi yang kurang baik.

Grafik ROC untuk metode *backpropagation* pada kelompok preparat biru ditunjukkan pada Gambar 4.30. AUC menunjukkan nilai 0.9489. Hal ini menunjukkan bahwa metode *backpropagation* pada kelompok preparat biru termasuk dalam kategori sangat baik.

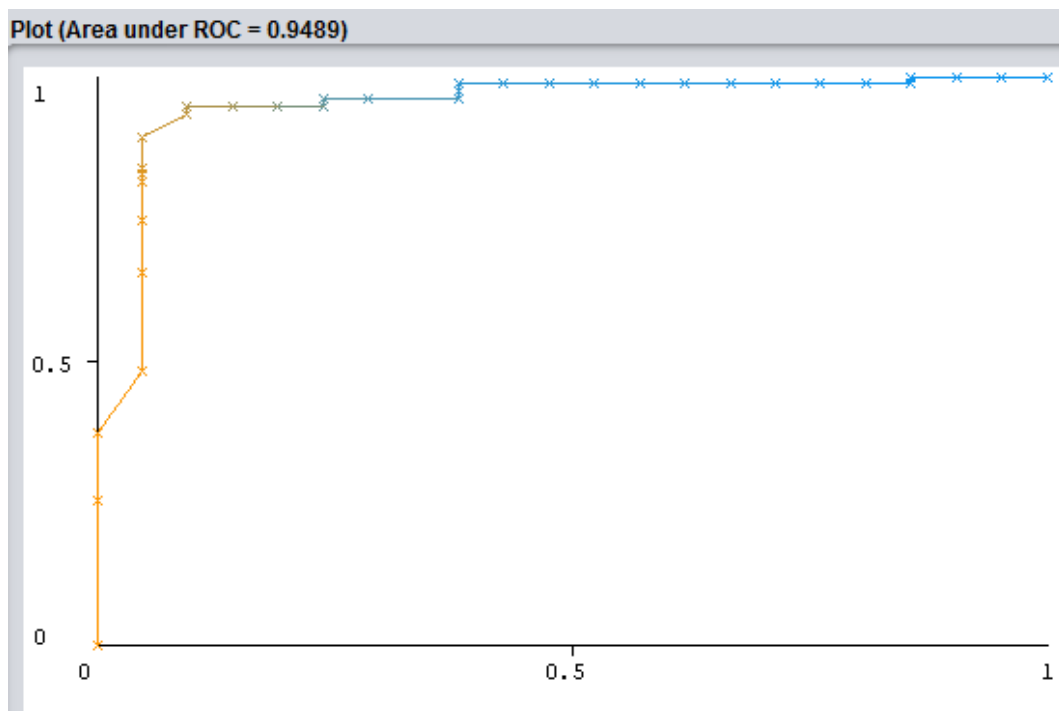


Gambar 4.28 Kurva ROC untuk Metode *Backpropagation* pada Kelompok Preparat Kuning

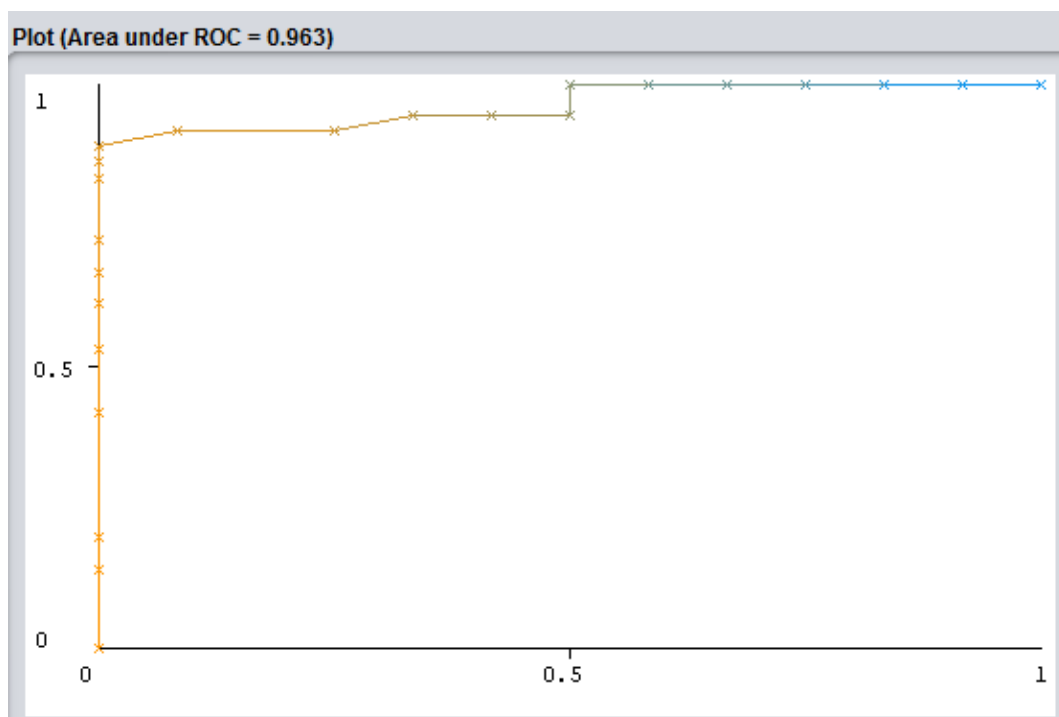


Gambar 4.29 Kurva ROC untuk Metode *Backpropagation* pada Kelompok Preparat Hijau





Gambar 4.30 Kurva ROC untuk Metode *Backpropagation* pada Kelompok Preparat Biru



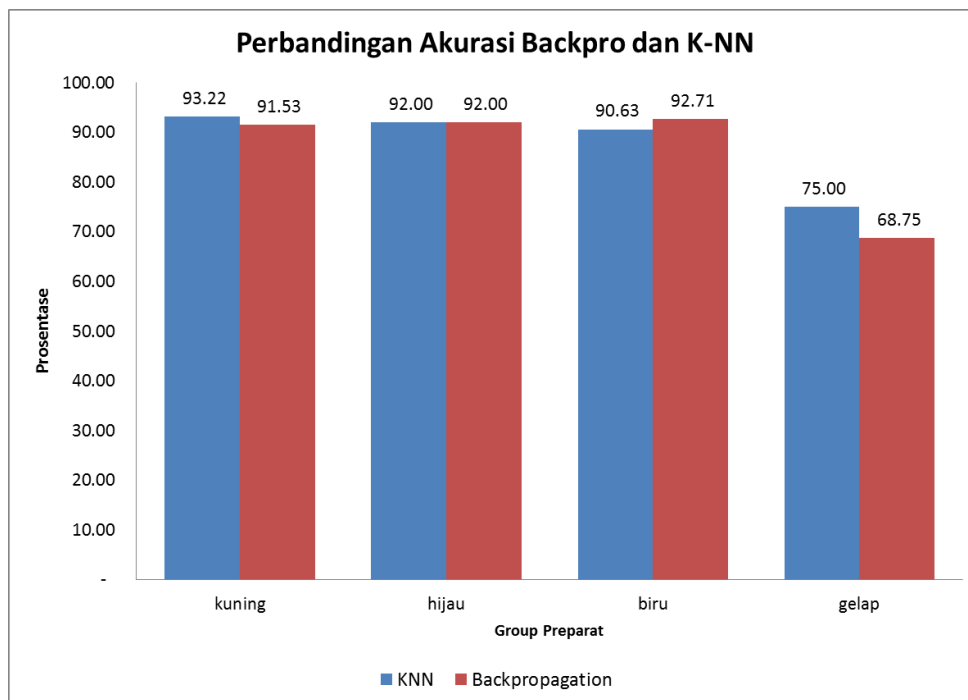
Gambar 4.31 Kurva ROC untuk Metode *Backpropagation* pada Kelompok Preparat Gelap

Gambar 4.31 menunjukkan grafik ROC untuk metode *backpropagation* pada kelompok preparat gelap. *Area Under the Curve* (AUC) menunjukkan nilai 0.963 artinya metode *backpropagation* yang digunakan untuk kelompok preparat gelap termasuk dalam kategori sangat baik.

#### 4.8 Perbandingan Akurasi Metode K-NN dan Backpropagation

Penelitian ini menggunakan dua metode klasifikasi yaitu *K-Nearest Neighbor* dan *Backpropagation*. Data pelatihan sebanyak 569 data yang terdiri dari 341 data training dan 228 data testing. Data training terdiri dari 90 data kelompok kuning, 35 data kelompok hijau, 145 data kelompok biru, 71 data kelompok gelap. Data testing terdiri dari 59 data kelompok kuning, 25 data kelompok hijau, 96 data kelompok biru, 48 data kelompok gelap.

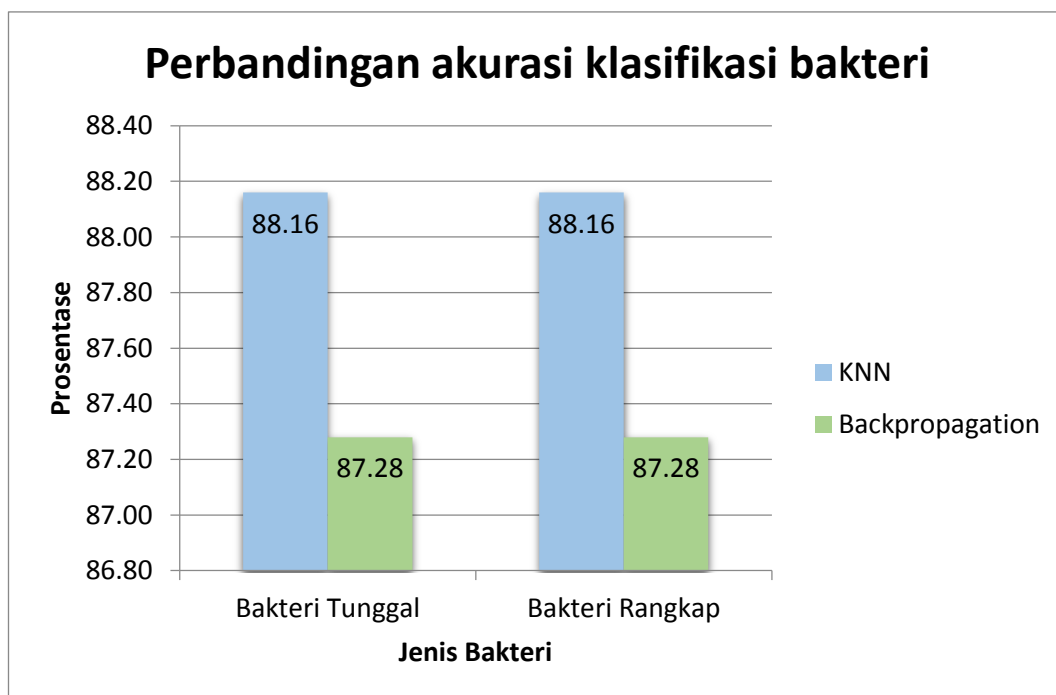
Kedua metode digunakan untuk mengklasifikasi bakteri tuberkulosis berdasarkan fitur bentuk bakteri tuberkulosis seperti *endpoint*, panjang bakteri dan percabangan bakteri. Kedua metode tersebut digunakan untuk mengklasifikasi pada 4 warna preparat yang berbeda sehingga didapatkan akurasi seperti pada Gambar 4.32



Gambar 4.32 Perbandingan Akurasi Metode Backpropagation dan K-NN pada Setiap Kelompok Preparat

Seperti pada Gambar 4.32 dapat disimpulkan bahwa, pada kelompok preparat kuning, K-NN mampu mengklasifikasi bakteri tuberkulosis dengan akurasi 93.22% lebih besar daripada *backpropagation* dengan akurasi 91.53%. Pada kelompok preparat hijau, baik K-NN maupun *backpropagation* memiliki kemampuan sama dalam akurasi yaitu sebesar 92%. Pada kelompok preparat biru, *backpropagation* lebih unggul dengan 92.71% dari pada K-NN yang memiliki akurasi 90.63% dan pada kelompok preparat gelap, K-NN lebih unggul dengan 75% dari pada *backpropagation* dengan 68.95%.

Maka diperoleh kesimpulan bahwa metode K-NN lebih baik daripada metode *backpropagation* pada kelompok preparat kuning dan gelap. Proses klasifikasi bakteri tuberkulosis menggunakan metode *backpropagation* lebih baik dibanding dengan metode K-NN (*K-Nearest Neighbor*) pada kelompok preparat biru. Hal ini disebabkan metode K-NN menggunakan pendekatan tetangga (nilai k), dimana semakin besar nilai k tingkat keberhasilan klasifikasi bakteri tuberkulosis semakin tinggi. Dan K-NN lebih baik digunakan pada preparat kuning dan gelap.



Gambar 4.33 Perbandingan Akurasi Metode K-NN dan *Backpropagation* dalam Mengklasifikasi Bakteri

Kedua metode ini dibandingkan juga dalam hal akurasi pengenalan bakteri tuberkulosis berdasarkan kelas yaitu bakteri tunggal dan bakteri rangkap. Pada gambar 4.33 menunjukkan bahwa metode *Backpropagation* lebih mengenali kelas bakteri tunggal sebesar 87.28% dan kelas bakteri rangkap sebesar 87.28%. sedangkan metode K-NN nilai akurasinya dalam mengenali bakteri tunggal sebesar 88.16% dan bakteri rangkap sebesar 88.16%.

Dari beberapa penjelasan yang sudah disampaikan, didapatkan bahwa metode K-NN dapat mengklasifikasi bakteri tuberkulosis berdasarkan nilai hasil ekstraksi fiturnya lebih akurat dibanding metode *backpropagation*.

## BAB 5

### KESIMPULAN

#### 5.1 Kesimpulan

Pada penelitian ini telah dikembangkan sistem klasifikasi bakteri tuberkulosis berdasarkan ekstraksi fitur bentuk bakteri antara lain panjang bakteri, *endpoint*, dan percabangan bakteri. Ekstraksi fitur diambil dari citra hasil segmentasi dari ruang warna RGB ke HSV. Kemudian dilakukan operasi morfologi untuk memperbaiki bentuk bakteri. Bakteri kemudian dipotong secara otomatis menggunakan ROI. Setelah dilakukan pemotongan otomatis, dilakukan lokalisasi bakteri untuk memisahkan juga ada ROI yang bukan termasuk bakteri. Kemudian bakteri di *skeletonizing* untuk mendapat citra bakteri selebar satu piksel saja. Dari citra skeletonlah fitur bakteri didapatkan.

Data yang digunakan pada penelitian ini ada dua jenis, yang pertama adalah data sintesis yang kedua adalah data asli preparat. Data asli menggunakan 40 gambar bakteri yang dipisah berdasarkan warna background menjadi 4 kelompok.

Prosentase akurasi yang diperoleh dari metode K-NN mampu mengenali dan mengklasifikasi bakteri tuberkulosis sebesar 93.22% pada citra preparat kuning, 92% pada preparat hijau, 90.63% pada preparat biru, dan 75% pada preparat gelap. Sementara prosentase akurasi menggunakan metode *backpropagation* mampu mengenali dan mengklasifikasi bakteri tuberkulosis sebesar 91.53% pada citra preparat kuning, 92% pada preparat hijau, 92.71% pada preparat biru, dan 68,75% pada preparat gelap. Metode K-NN lebih unggul dalam akurasi klasifikasi pada kelompok preparat kuning, dan kelompok preparat gelap. Dan metode *backpropagation* lebih unggul pada kelompok preparat biru. Sedangkan dalam kelompok preparat hijau K-NN dan *backpropagation* memiliki akurasi klasifikasi sama sebesar 92%.

Pada perbandingan akurasi klasifikasi bakteri berdasarkan jenis bakteri, K-NN mampu mengklasifikasi bakteri tunggal sebesar 88.16% lebih besar dibanding *backpropagation* yang mampu mengklasifikasi sebesar 87.28%. Bakteri rangkap

mampu diklasifikasi sebesar 88.16% menggunakan K-NN dan sebesar 87.28% menggunakan *backpropagation*.

## **5.2 Penelitian Selanjutnya**

Penelitian ini dapat dilanjutkan dan dikembangkan menggunakan metode ekstraksi fitur dan klasifikasi lain yang dapat meningkatkan akurasi dalam mengklasifikasi bakteri tuberkulosis.

## DAFTAR RUJUKAN

- [1] G. M. Cook, M. Berney, S. Gebhard, M. Heinemann, R.A. Cox, O. Danilchanka, M. Niederweis, and K. P. Robert, "Physiology of Microbacteria," in *Advance in Microbial Physiology*. Volume 55. Academia Press, 2009, pp. 81-182, 318-319
- [2] S. Kumar, R. P. Bajpai, and L. M. Bharadwaj, "Diagnosis of Tuberculosis based on BioMEMS," in *Intelligent Sensing and Information Processing*, 2004. *Proceedings of International Conference on*, 2004, pp. 237-242.
- [3] Corbett E. L., Watt C. J., Walker N., Maher D., Williams B. G., Raviglione M., C., Dye C., "The Growing Burden of Tuberculosis: Global Trends and Interaction with The HIV Epidemic," in *National Center for Biotechnology Information*, , Chicago 12 May 2003.
- [4] World Health Organization (WHO), "Global Tuberculosis Report 2017". ISBN 978-92-4-156551-6, France, 2017
- [5] Perhimpunan Dokter Paru Indonesia , "Tuberkulosis Pedoman Diagnosis & Penatalaksanaan Di Indonesia," 2002.
- [6] P. K. Rana, "Management of Tuberculosis," Pradeep Kumar, India, 2015.
- [7] F. Fishbach, M. B. Dunning III, "A Manual of Laboratory and Diagnostic Test," Wolters Kluwer Health|Lippincott Williams & Wilkins, China, 2009.
- [8] Centers for Disease Control and Prevention's Public Health Image Library (PHIL), ID picture 6806 2004 [Online]. Available: <https://phil.cdc.gov/Details.aspx?pid=6806>
- [9] Departemen Kesehatan RI, "Pemeriksaan Mikroskopis Tuberkulosis," Direktorat Jenderal Pengendalian Penyakit & Penyehatan Lingkungan, 2007.
- [10] J. A. C. Luna, "A Tuberculosis Guide for Specialist Physician," International Union Against Tuberculosis and Lung Disease, Paris, 2004.
- [11] K. Veropoulos; C. Campbell, G. Learmonth, "Image Processing and Neural Computing Used in Diagnosis of Tuberculosis," *Proc. IEE Colloquium on Intelligent Methods in Healthcare and Medical Applications* (Digest No. 1998/514), pp. 8/1-8/4, York UK, 1988
- [12] R. Khutlang, S. Krishnan, R. Dendere, A. Whitelaw, K. Veropoulos, G. Learmonth, and T.S. Douglas, 'Classification of Mycobacterium tuberculosis in images of ZN-stained sputum smears', *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 2009.























- [13]K. Veropoulos; C. Campbell, G. Learmonth, B. Knight, "The Automated Identification of Tubercle Bacilli using Image Processing and Neural Computing Techniques," Proceeding of the 8th International Conference on Artificial Neural Networks vol 2, pp.797-802, Sweden, 1988.
- [14]Forero M, Sroubek F, Cristbal G, "Identification of tuberculosis bacteria based on shape and colour," Real Time Imaging, vol. 10, pp. 251 262, Aug 2004.
- [15]M.G. Forero, G. Cristobal, dan J.A. Borrego, "Automatic Identification Techniques of Tuberculosis Bacteria," SPIE Proceedings of The Applications of Digital Image Processing XXVI, Vol.5203, pp. 71-81, ISBN 0-8194-5076-6, Bellingham WA, San Diego, CA, SPIE, 2003.
- [16]Ibnu S., Kusworo A., Rahmat G., Nelly M., "Development of Algorithm Tuberculosis Bacteria Identification Using Color Segmentation and Neural Networks", IJVIPNS-IJENS, Volume 12, Isue 4, August 2011.
- [17]Vishnu Makkapati, Ravindra Agrawal, and Raviraja Acharya, "Segmentation and Classification of Tuberculosis Bacilli from ZN-Stained Sputum Smear Images", CASE 2009: pp. 217-220, 2009.
- [18]M.K. Osman, M.Y. Mashor, Z. Saad, and H. Jaafar, "Colour Image Segmentation of Tuberculosis Bacilli in Ziehl-Neelsen-Stained Tissue Images Using Moving K-Mean Clustering Procedure", 2010 Fourth Asia International Conference on Mathematical/Analytical Modelling and Computer Simulation, pp.215-220, 2010.
- [19]Supatman. "Deteksi Pembesaran Kelenjar Getah Bening pada Paru dengan Pengolahan Citra Digital untuk Mendiagnosa Penyakit Primer Kompleks Tuberkulosis (PKTB)," Seminar Nasional Aplikasi Teknologi Informasi, 2009.
- [20]Kusworo Adi, Rahmad Gernowo, Aris Sugiharto, K. Sofjan F, Adi P, Ari B, "Tuberculosis (TB) Identification in The Ziehl-Neelsen Sputum Sample in NTSC Channel and Support Vector Machine (SVM) Classification," International Journal of Innovative Research in Science, Engineering and Technology, Vol. 2, Issue 9, 2013.
- [21]P.K. Bhatia, "Computer Graphics", I.K. Interational Publishing House Pvt. Ltd., Mumbai, New Delhi, 2008.
- [22]C.C. Reyes, Aldasoro, "Biomedical Image Analysis Recipes in Matlab", Wiley Backwell, West Sussex, USA, 2015.

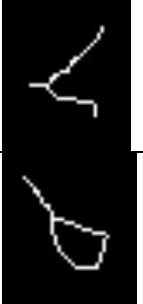

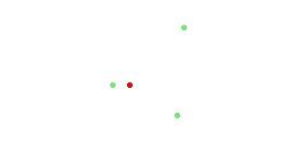



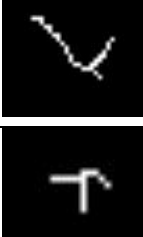

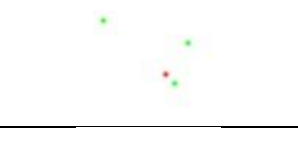













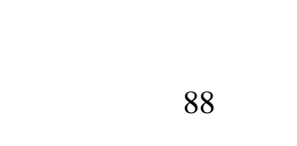













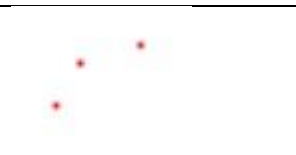
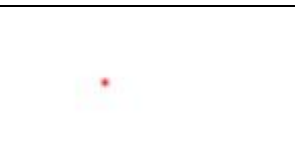



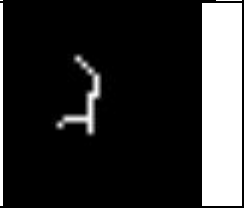
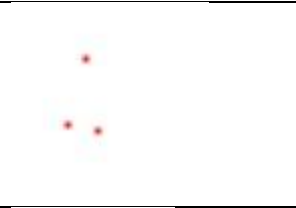
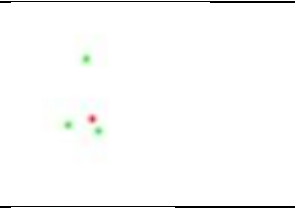




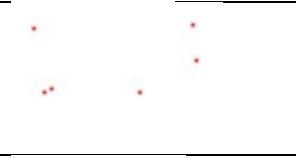





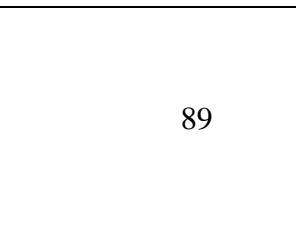
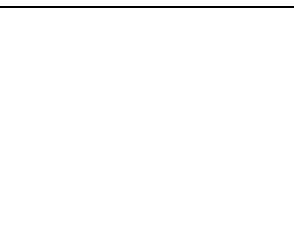
- [23] Mansib Rhman, "Beginning Microsoft Kinect for Windows SDK 2.0: Motion and Depth Sensing for Natural User Interface." Apress, Quebec, Canada., 2017.
- [24] Anggri Y. P., "Operasi Morfologi pada Pengolahan Citra," [Online] Available: <https://devtrik.com/opencv/operasi-morfologi-pada-pengolahan-citra/>
- [25] E. D. S. C. Satapathy, B. N. Biswal, S. K. Udgata, J. K. Mandal. "Proceedings of the 3rd International Conference on Frontiers of Intelligent Computing: Theory and Applications (FICTA) 2014 volume 2," Springer London, 2015.
- [26] Ron Brinkman, "The Art and Science of Digital Compositing," Morgan Kaufmann, San Fransisco, USA, 1999.
- [27] Ching Y. Suen dan Patrick Shen-pei Wang, "Thinning Methodologies for Pattern Recognition," World Scientific Publishing co.pteltd., Singapore, 1994.
- [28] Mathworks, "Regionfill," [Online] Available: <https://www.mathworks.com/help/images/ref/regionfill.html>
- [29] R. Bansal, P. Sehgal, dan P. Bedi, "Minutiae Extraction from Fingerprint Images - A Review Roli Bansal," IJCSI International Jour ISSN (Online): 1694-08, 2011.
- [30] Mathworks, "Skeletonization," [Online] Available: <https://www.mathworks.com/help/images/skeletonization.html>
- [31] M. H. Purnomo, A. Kurniawan, "Supervised Neura Network dan Aplikasinya," Graha Ilmu, Yogyakarta, 2006.
- [32] Wu, X., Kumar, V., Ross Quinlan, J., Ghosh, J., Yang, Q., Motoda, H., McLachlan, G.J., Ng, A., Liu, B., Yu, P.S., Zhou, Z.-H., Steinbach, M., Hand, D.J., Steinberg, D., "Top 10 Algorithms in Data Mining;" Knowl. Inf. Syst. 14, 1–37, 2008.








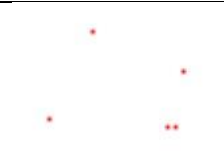
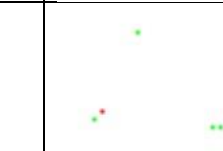

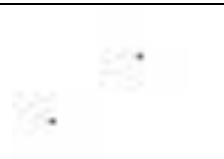
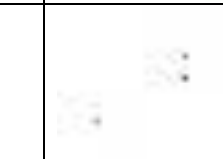

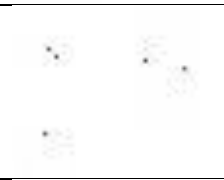
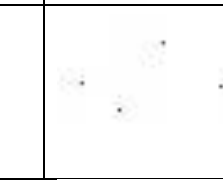





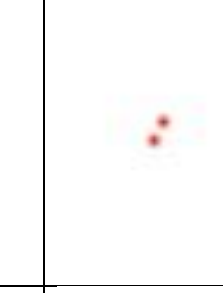
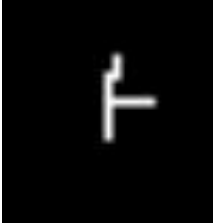

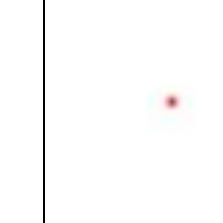
*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## LAMPIRAN

N o	Gambar skeleton	Endpoint	Cabang	Vali- dasi
1			Tidak ada	Benar
2			Tidak ada	Benar
3			Tidak ada	Benar
4			Tidak ada	Benar
5			Tidak ada	Benar
6			Tidak ada	Benar
7			Tidak ada	Benar
8			Tidak ada	Benar
9			Tidak ada	Benar
10			Tidak ada	Benar
11			Tidak ada	Benar

N o	Gambar skeleton	Endpoint	Cabang	Vali- dasi
12				Benar
13				Benar
14				Benar
15				Benar
16				Benar
17				Benar
18				Benar
19				Benar
20				Benar

N o	Gambar skeleton	Endpoint	Cabang	Valid asi
21				Benar
22				Benar
23				Benar
24				Benar
25				Benar
26				Benar
27				Benar
28				Benar
29				Benar

N o	Gambar skeleton	Endpoint	Cabang	Valid asi
30				Benar
31				Benar
32				Benar
33				Benar
34				Benar
35				Benar
36				Benar
37				Benar

## BIOGRAFI PENULIS



Lalitya Nindita Sahenda, anak pertama dari dua bersaudara dari pasangan Saiin dan Heny Mardiana. Lahir di Jember, 23 November 1994. Istri dari Prayugo Ardi Wibowo dan Ibu dari Lalitya Quillona Azura Wibowo. Menempuh pendidikan dimulai dari SDN Ajung 2 Kalisat-Jember, Akselerasi SMPN 2 Jember, Akselerasi SMAN 1 Jember, dan menyelesaikan S1 di Universitas Negeri Malang Program Studi Pendidikan Teknik Informatika pada tahun Maret 2014.

Pada tahun yang sama, melanjutkan studinya di Institut Teknologi Sepuluh Nopember bidang keahlian Jaringan Cerdas Multimedia.